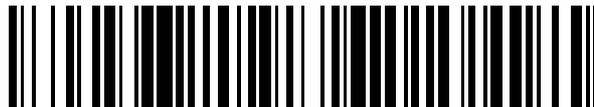


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 624 689**

51 Int. Cl.:

**C12N 15/82** (2006.01)

**C07K 14/415** (2006.01)

**C12N 7/06** (2006.01)

**C12N 9/10** (2006.01)

**A01N 57/20** (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **12.12.2000 E 15169140 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **15.02.2017 EP 2944695**

54 Título: **Nuevas construcciones de expresión en plantas**

30 Prioridad:

**16.12.1999 US 171173 P**

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

**17.07.2017**

73 Titular/es:

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

72 Inventor/es:

**FINCHER, KAREN L.;  
FLASINSKI, STANISLAW y  
WILKINSON, JACK Q.**

74 Agente/Representante:

**CARPINTERO LÓPEZ, Mario**

ES 2 624 689 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

Nuevas construcciones de expresión en plantas

### Campo de la invención

5 La presente invención se refiere al aislamiento y uso de moléculas de ácido nucleico para control de expresión génica, específicamente nuevos promotores de plantas.

### Antecedentes de la invención

10 Uno de los objetivos de la ingeniería genética de plantas es producir plantas con características o rasgos agrónomicamente importantes. Recientes avances en la ingeniería genética han proporcionado las herramientas necesarias para producir plantas transgénicas que contengan y expresen genes ajenos (Kahl y col., World J. of Microbiol. Biotech. 11:449-460, 1995). Los rasgos o cualidades particularmente deseables de interés para ingeniería genética de plantas incluirían pero sin limitación resistencia a insectos, enfermedades fúngicas y otras plagas y agentes que provocan enfermedades, tolerancias a herbicidas, tiempo de conservación o estabilidad potenciados, rendimiento, tolerancias ambientales y potenciaciones nutricionales. Los avances tecnológicos en transformación y regeneración de plantas han permitido a los investigadores tomar ADN exógeno, tal como un gen o genes de una fuente heteróloga o nativa, e incorporar el ADN exógeno en el genoma de la planta. En un enfoque, la expresión de un nuevo gen que no se expresa normalmente en una planta particular o tejido vegetal puede conferir un efecto fenotípico deseado. En otro enfoque, la transcripción de un gen o parte de un gen en una orientación antisentido puede producir un efecto deseable evitando o inhibiendo la expresión de un gen endógeno.

20 Para producir una planta transgénica, una construcción que incluye una secuencia de gen heterólogo que confiere un fenotipo deseado cuando se expresa en la planta se introduce en una célula vegetal. La construcción también incluye un promotor vegetal que se une operativamente a la secuencia del gen heterólogo, con frecuencia un promotor no asociado normalmente con el gen heterólogo. La construcción se introduce después en una célula vegetal para producir una célula vegetal transformada, y la célula vegetal transformada se regenera en una planta transgénica. El promotor controla la expresión de la secuencia de ADN introducida a la que se une operativamente el promotor y, de este modo, afecta a la característica deseada conferida por la secuencia de ADN. Por ejemplo, el documento WO92/00377 desvela plantas que expresan secuencias de ADN estructural, en particular de la glifosato oxidoreductasa, bajo el control de un promotor del FMV.

30 Sería ventajoso tener varios promotores para adaptar la expresión génica de modo que se transcriba un gen o genes eficazmente en el momento correcto durante el crecimiento y desarrollo de la planta, en la localización óptima de la planta, y en la cantidad necesaria para producir el efecto deseado. Por ejemplo, la expresión constitutiva de un producto génico puede ser beneficiosa en una localización de la planta pero menos beneficiosa en otra planta de la planta. En otros casos, puede ser beneficioso tener un producto génico producido en un cierto estadio del desarrollo de la planta o en respuesta a ciertos estímulos ambientales o químicos. El desarrollo comercial de germoplasma mejorado genéticamente también ha avanzado al estadio de introducir múltiples rasgos en plantas de cultivo, con frecuencia denominado enfoque de apilamiento génico. En este enfoque, pueden introducirse múltiples genes que confieren diferentes características de interés a una planta. Es importante cuando se introducen múltiples genes en una planta que cada gen se module o controle para expresión óptima y que los elementos reguladores sean diversos para reducir el potencial de silenciamiento génico. A la luz de estas y otras consideraciones, resulta evidente que el control óptimo de la expresión génica y diversidad de elementos reguladores son importantes en la biotecnología de plantas.

### Sumario de la invención

La presente invención se refiere a un procedimiento de producción de una planta que expresa una secuencia de ADN estructural, comprendiendo el procedimiento:

- 45 (1) proporcionar una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor la SEQ ID NO: 28; una secuencia de ADN estructural; y una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y el promotor es heterólogo con respecto a la secuencia de ADN estructural;
- 50 (2) introducir la construcción de ADN en una célula vegetal; y
- (3) regenerar la célula vegetal para producir la planta de forma que la secuencia de ADN estructural pueda expresarse en la planta.

La invención adicionalmente proporciona una planta de cultivo transgénica que comprende una construcción de ADN que comprende la secuencia de ADN promotora quimérica de SEQ ID NO: 28 y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor quimérico y la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora quimérica es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural. La planta de cultivo transgénica puede ser una especie de cultivo monocotiledónea o una dicotiledónea, por ejemplo alfalfa, brócoli, repollo, colza,

coliflor, maíz, algodón, arándano, pepino, lechuga, guisante, álamo, pino, patata, cebolla, arroz, frambuesa, soja, caña de azúcar, remolacha azucarera, girasol, tomate o trigo.

**Breve descripción de los dibujos**

- 5 La Figura 1 es un mapa plasmídico de pCGN8086
- La Figura 2 es un mapa plasmídico de pMON45325
- La Figura 3 es un mapa plasmídico de pMON45331
- La Figura 4 es un mapa plasmídico de pMON45332
- La Figura 5 es un mapa plasmídico de pCGN9190
- La Figura 6 es un mapa plasmídico de pCGN9153
- 10 La Figura 7 es un mapa plasmídico de pCGN8099
- La Figura 8 es un mapa plasmídico de pCGN8088
- La Figura 9 es un mapa plasmídico de pCGN8068
- La Figura 10 es un mapa plasmídico de pCGN8096
- La Figura 11 es un mapa plasmídico de pCGN9151
- 15 La Figura 12 es un mapa plasmídico de pMON10156
- La Figura 13 es un mapa plasmídico de pMON52059
- La Figura 14 es un mapa plasmídico de pMON54952
- La Figura 15 es un mapa plasmídico de pMON54953
- La Figura 16 es un mapa plasmídico de pMON54954
- 20 La Figura 17 es un mapa plasmídico de pMON54955
- La Figura 18 es un mapa plasmídico de pMON54956

**Breve descripción de la lista de secuencias**

- 25 SEQ ID NO: 1 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act2
- SEQ ID NO: 2 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act2
- SEQ ID NO: 3 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act8
- SEQ ID NO: 4 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act8
- SEQ ID NO: 5 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act11
- SEQ ID NO: 6 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act11
- 30 SEQ ID NO: 7 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de EF1
- SEQ ID NO: 8 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de EF1
- SEQ ID NO: 9 es la secuencia del promotor de Act2 que incluye la secuencia intrónica del gen Act2. Las posiciones de bases 1 - 764 representan la secuencia promotora; las posiciones de base 765-1215 representan el intrón seguido de 5 bases de región 5' no traducida (5' UTR) antes de la ATG; el sitio de inicio de la transcripción se localiza en la posición de base 597.
- 35 SEQ ID NO: 10 es la secuencia del promotor de Act8 que incluye el primer intrón del gen Act8. Las posiciones de bases 1-797 representan la secuencia promotora; las posiciones de base 798-1259 representan el intrón seguido de 10 bases de 5' UTR antes de la ATG; el sitio de inicio de la transcripción se localiza en la posición de base 646.
- SEQ ID NO: 11 es la secuencia del promotor Act11 que incluye el primer intrón del gen Act11. Las posiciones de bases 1-1218 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 1219-1381 representan el intrón seguido de 10 bases de 5' UTR antes de la ATG; el sitio de inicio de la transcripción se localiza en la posición de base 1062.
- 40 SEQ ID NO: 12 es la secuencia del promotor de EF1 que incluye el primer intrón del gen EF1. Las posiciones de bases 1-536 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 537-1137 representan el intrón seguido de 22 bases de 5' UTR antes de la ATG; el sitio de inicio de la transcripción se localiza en la posición de bases 481.
- 45 SEQ ID NO: 13 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act1a
- SEQ ID NO: 14 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act1b
- 50 SEQ ID NO: 15 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act1a y Act1b
- SEQ ID NO: 16 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act3
- SEQ ID NO: 17 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act3
- SEQ ID NO: 18 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act7
- SEQ ID NO: 19 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act7
- 55 SEQ ID NO: 20 es el cebador de PCR directo usado para el aislamiento del promotor de Act12
- SEQ ID NO: 21 es el cebador de PCR inverso usado para el aislamiento del promotor de Act12
- SEQ ID NO: 22 es la secuencia del promotor de Act1a que incluye el primer intrón del gen Act1a. Las posiciones de bases 1-1033 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 1034-1578 representan el intrón y 5' UTR.
- 60 SEQ ID NO: 23 es la secuencia del promotor de Act1b que incluye el primer intrón del gen Act1b. Las posiciones de bases 1-914 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 915-1468 representan la secuencia de intrón y 5' UTR.
- SEQ ID NO: 24 es la secuencia del promotor de Act3 que incluye el primer intrón del gen Act3. Las posiciones de bases 1-1023 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 1024-1642 representan la secuencia

de intrón y 5' UTR.

SEQ ID NO: 25 es la secuencia del promotor de Act7 que incluye el primer intrón del gen Act7. Las posiciones de bases 1-600 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 601-1241 representan la secuencia de intrón y 5' UTR.

5 SEQ ID NO: 26 es la secuencia del promotor de Act12 que incluye el primer intrón del gen Act12. Las posiciones de bases 1-1017 representan la secuencia promotora; las posiciones de bases 1018-1313 representan la secuencia de intrón y 5' UTR.

10 SEQ ID NO: 27 es la secuencia del promotor de FMV-Act11 quimérico que incluye el primer intrón del gen Act11. Las posiciones de bases 1-536 representan la secuencia promotora de FMV duplicada; las posiciones de bases 553-1946 representan el promotor de Actina 11 de *Arabidopsis*, secuencia de intrón y 5' UTR. SEQ ID NO: 28 es la secuencia del promotor de FMV-EF1 $\alpha$  quimérico que incluye el primer intrón del gen EF1 $\alpha$ . Las posiciones de bases 1-536 presentan la secuencia promotora de FMV; las posiciones de bases 553-1695 representan el promotor de EF1 $\alpha$ , secuencia de intrón y 5' UTR.

15 SEQ ID NO: 29 es la secuencia del promotor de CaMV-Act8 que incluye el primer intrón del gen Act8. Las posiciones de bases 1-523 representan la secuencia promotora de CaMV; las posiciones de bases 534-1800 representan el promotor de Act8, secuencia de intrón y 5' UTR.

SEQ ID NO: 30 es la secuencia del promotor de CaMV-Act2 que incluye el primer intrón del gen Act2. Las posiciones de bases 1-523 representan la secuencia promotora de CaMV; las posiciones de bases 534-1742 representan el promotor de Act2, secuencia de intrón y 5' UTR.

## 20 **Descripción detallada de la invención**

La presente solicitud reivindica la prioridad de la Solicitud Provisoria de Patente N.º 60/171.173, presentada el 16/12/99. Se proporcionan las siguientes definiciones y procedimientos para definir mejor y para guiar a los expertos habituales en la técnica en la práctica de la presente invención. A no ser que se indique de otro modo, los términos deben entenderse de acuerdo con el uso convencional por los expertos habituales en la técnica relevante. Se usa la nomenclatura para bases de ADN como se expone en 37 CFR § 1.822. Se usa la nomenclatura de una y tres letras convencional para restos de aminoácidos.

30 “(Secuencia) de ácido nucleico” o “(secuencia) polinucleotídica” se refiere a ADN o ARN bicatenario o monocatenario de origen genómico o sintético, es decir, un polímero de bases desoxirribonucleotídicas o ribonucleotídicas, respectivamente, leídas desde el extremo 5' (cadena arriba) al extremo 3' (cadena abajo). El ácido nucleico puede representar la hebra sentido o complementaria (antisentido).

“Nativo” se refiere a una secuencia de ácido nucleico de origen natural (“tipo silvestre”).

Secuencia “heteróloga” se refiere a una secuencia que se origina de una fuente o especie ajena o, si es de la misma fuente, se modifica desde su forma original.

35 Una secuencia de ácido nucleico “aislada” está sustancialmente separada o purificada de otras secuencias de ácidos nucleicos con las que normalmente se asocia el ácido nucleico en la célula del organismo en la que aparece de forma natural el ácido nucleico, es decir, otro ADN cromosómico o extracromosómico. El término abarca ácidos nucleicos que se purifican de forma bioquímica de modo que se retienen sustancialmente los ácidos nucleicos contaminantes y otros componentes celulares. El término también abarca ácidos nucleicos recombinantes y ácidos nucleicos sintetizados químicamente.

40 La expresión “sustancialmente purificada”, como se usa en el presente documento, se refiere a una molécula separada de otras moléculas normalmente asociadas con ella en su estado nativo. Más preferentemente, una molécula sustancialmente purificada es la especie predominante presente en una preparación. Una molécula sustancialmente purificada puede ser más del 60 % sin, preferentemente 75 % sin, más preferentemente 90 % sin las otras moléculas (excluido el disolvente) presentes en la mezcla natural. La expresión “sustancialmente purificada” no pretende abarcar moléculas presentes en su estado nativo.

45 Una primera secuencia de ácido nucleico presenta “identidad sustancial” con una secuencia de ácido nucleico de referencia si, cuando se alinea de forma óptima (con inserciones o deleciones de nucleótidos apropiadas que suman menos del 20 por ciento de la secuencia de referencia sobre la ventana de comparación) con el otro ácido nucleico (o su hebra complementaria), hay al menos aproximadamente 75 % de identidad de secuencia de nucleótidos, preferentemente al menos aproximadamente 80 % de identidad, más preferentemente al menos 85 % de identidad, y más preferentemente al menos aproximadamente 90 % de identidad sobre una ventana de comparación de al menos 20 posiciones de nucleótidos, preferentemente al menos 50 posiciones de nucleótidos, más preferentemente al menos 100 posiciones de nucleótidos, y más preferentemente sobre la longitud completa del primer ácido nucleico. Puede realizarse el alineamiento óptimo de secuencias para alinear una ventana de comparación por el algoritmo de homología local de Smith y Waterman, Adv. Appl. Math. 2: 482, 1981; por el algoritmo de alineamiento de homología de Needleman y Wunsch, J. Mol. Biol. 48: 443, 1970; por el procedimiento de búsqueda de similitud de Pearson y Lipman, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85: 2444, 1988; preferentemente por implementaciones computarizadas de estos algoritmos (GAP, BESTFIT, FASTA y TFASTA) en el Paquete de Software de Wisconsin Genetics Versión 7.0, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI. El ácido nucleico de referencia

puede ser una molécula de longitud completa o una parte de una molécula más larga. Como alternativa, los ácidos nucleicos tienen identidad sustancial si uno hibrida con el otro en condiciones rigurosas, como se define posteriormente.

5 Una primera secuencia de ácido nucleico está “unida operativamente” a una segunda secuencia de ácido nucleico cuando las secuencias se disponen de tal modo que la primera secuencia de ácido nucleico afecte a la función de la segunda secuencia de ácido nucleico. Preferentemente, las dos secuencias son parte de una molécula de ácido nucleico contigua sencilla y más preferentemente están adyacentes. Por ejemplo, un promotor está unido operativamente a un gen si el promotor regula o media en la transcripción del gen en una célula.

10 Un ácido nucleico “recombinante” se prepara por una combinación artificial de dos segmentos separados de otro modo de secuencia, por ejemplo, por síntesis química o por la manipulación de segmentos aislados de ácidos nucleicos por técnicas de ingeniería genética. Se conocen bien técnicas para manipulación de ácidos nucleicos (véase por ejemplo Sambrook y col., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, 1989; Mailga y col., *Methods in Plant Molecular Biology*, Cold Spring Harbor Press, 1995; Birren y col., *Genome Analysis: volumen 1, Analyzing DNA*, (1997), volumen 2, *Detecting Genes*, (1998), volumen 3, *Cloning Systems*, (1999) volumen 4, *Mapping Genomes*, (1999), Cold Spring Harbor, Nueva York).

Se analizan procedimientos para síntesis química de ácidos nucleicos, por ejemplo, en Beaucage y Carruthers, *Tetra. Letts.* 22: 1859-1862, 1981 y Matteucci y col., *J. Am. Chem. Soc.* 103: 3185, 1981. Puede realizarse síntesis química de ácidos nucleicos, por ejemplo, en sintetizadores de oligonucleótidos automáticos comerciales.

20 Una “secuencia de ácido nucleico sintética” puede diseñarse y sintetizarse químicamente para expresión potenciada en células huésped particulares y para los fines de clonación en construcciones apropiadas. Las células huésped con frecuencia presentan un patrón preferido de uso codónico (Murray y col., 1989). Los ADN sintéticos diseñados para potenciar la expresión en un huésped particular deberían por lo tanto reflejar el patrón de uso codónico en la célula huésped. Están disponibles programas informáticos para estos fines incluyendo pero sin limitación los programas “BestFit” o “Gap” del Paquete de Software de Análisis de Secuencia, Genetics Computer Group, Inc., University of Wisconsin Biotechnology Center, Madison, WI 53711.

30 “Amplificación” de ácidos nucleicos o “reproducción de ácido nucleico” se refiere a la producción de copias adicionales de una secuencia de ácido nucleico y se lleva a cabo usando tecnologías de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se conoce en la técnica varios procedimientos de amplificación y se describe, entre otros, en las Patentes de Estados Unidos N<sup>o</sup>: 4.683.195 y 4.683.202 y en *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, ed. Innis y col., Academic Press, San Diego, 1990. En PCR, un cebador se refiere a un oligonucleótido corto de secuencia definida que se hibrida con un molde de ADN para iniciar la reacción en cadena de la polimerasa.

35 “Transformado”, “transfectado” o “transgénico” se refiere a una célula, tejido, órgano u organismo en el que se ha introducido un ácido nucleico ajeno, tal como una construcción recombinante. Preferentemente, el ácido nucleico introducido se integra en el ADN genómico de la célula, tejido, órgano u organismo receptor de modo que el ácido nucleico introducido se herede por la descendencia posterior. Una célula u organismo “transgénico” o “transformado” también incluye descendencia de la célula u organismo y descendencia producida a partir de un programa de reproducción que emplee una planta “transgénica” tal como un parental en un cruce y que muestre un fenotipo alterado resultante de la presencia de una construcción o construcción recombinante.

40 El término “gen” se refiere a ADN cromosómico, ADN plasmídico, ADNc, ADN sintético u otro ADN que codifica un péptido, polipéptido, proteína o molécula de ARN, y regiones que flanquean la secuencia codificante implicada en la regulación de la expresión. Algunos genes pueden transcribirse a ARNm y traducirse a polipéptidos (genes estructurales); otros genes pueden transcribirse a ARN (por ejemplo ARNr, ARNt); y otros tipos de genes actúan como reguladores de la expresión (genes reguladores).

45 “Expresión” de un gen se refiere a la transcripción de un gen para producir el ARNm correspondiente y traducción de este ARNm para producir el producto génico correspondiente, es decir, un péptido, polipéptido o proteína. La expresión génica se controla o modula por elementos reguladores que incluyen elementos reguladores 5' tales como promotores.

50 “Componente genético” se refiere a cualquier secuencia de ácido nucleico o elemento genético que también puede ser un componente o parte de una construcción de expresión. Los ejemplos de componentes genéticos incluyen, pero sin limitación regiones promotoras, líderes no traducidos 5', intrones, genes, regiones no traducidas 3' y otras secuencias reguladoras o secuencias que afectan a la transcripción o traducción de una o más secuencias de ácido nucleico.

55 Las expresiones “construcción de ADN recombinante”, “construcción recombinante”, “construcción de expresión” o “casete de expresión” se refieren a cualquier agente tal como un plásmido, cósmido, virus, BAC (cromosoma artificial de bacteria), secuencia de replicación autónoma, fago o secuencia de nucleótidos de ADN o ARN monocatenaria o bicatenaria lineal o circular, derivada de cualquier fuente, capaz de integración genómica o replicación autónoma, que comprende una molécula de ADN en la que se ha unido una o más secuencias de ADN de una manera funcionalmente operativa usando técnicas de ADN recombinante bien conocidas.

“Complementario” se refiere a la asociación natural de secuencias de ácido nucleico por formación de pares de bases (pares A-G-T con la secuencia complementaria T-C-A). La complementariedad entre dos moléculas monocatenarias puede ser parcial, si solamente algunos de los pares de ácidos nucleicos son complementarios; o completa, si todos los pares de bases son complementarios. El grado de complementariedad afecta a la eficacia y fuerza de hibridación y reacciones de amplificación.

“Homología” se refiere al nivel de similitud entre secuencias de ácido nucleico o aminoácidos con respecto a porcentaje de nucleótidos o identidad posicional de aminoácidos, respectivamente, es decir, similitud o identidad de secuencia. La homología también se refiere al concepto de propiedades funcionales similares entre diferentes ácidos nucleicos o proteínas.

“Promotor” se refiere a una secuencia de ácido nucleico localizada cadena arriba o 5' de un codón de inicio de la traducción de una fase de abierta de lectura (o región codificante de proteínas) de un gen y que esté implicada en el reconocimiento y unión de ARN polimerasa II y otras proteínas (factores de transcripción que actúan en trans) para iniciar la transcripción. Un “promotor vegetal” es un promotor nativo o no nativo que es funcional en células vegetales. Los promotores constitutivos son funcionales en la mayoría o todos los tejidos de una planta durante el desarrollo de la planta. Se expresan promotores específicos de tejido, órgano o célula solamente o predominantemente en un tejido, órgano o tipo celular particular, respectivamente. En lugar de expresarse “específicamente” en un tejido, órgano o tipo celular dado, un promotor puede presentar expresión “potenciada”, es decir, un nivel de expresión más alto en una parte (por ejemplo, tipo celular, tejido u órgano) de la planta en comparación con otras partes de la planta. Los promotores regulados temporalmente son funcionales solamente o predominantemente durante ciertos periodos del desarrollo de la planta o en ciertos momentos del día, como sucede con genes asociados con los ritmos circadianos, por ejemplo. Los promotores inducibles expresan selectivamente una secuencia de ADN unida operativamente en respuesta a la presencia de un estímulo endógeno o exógeno, por ejemplo por compuestos químicos (inductores químicos) o en respuesta a señales ambientales, hormonales, químicas y/o de desarrollo. Los promotores inducibles o regulados incluyen, por ejemplo, promotores regulados por luz, calor, estrés, inundación o sequía, fitohormonas, heridas o agentes químicos tales como etanol, jasmonato, ácido salicílico o protectores.

Cualquier promotor vegetal puede usarse como una secuencia reguladora 5' para modular la expresión de un gen o genes particulares. Un promotor preferido sería un promotor de ARN polimerasa II vegetal. Los promotores de ARN polimerasa II vegetales, como los de otros eucariotas superiores, tienen estructuras complejas y están comprendidos por varios elementos diferentes. Un elemento tal es la caja TATA o caja Goldberg-Hogness, que se requiere para la expresión correcta de genes eucariotas *in vitro* e inicio de la transcripción *in vivo* preciso y eficaz. La caja TATA se sitúa normalmente a aproximadamente -25 a -35, es decir, a 25 a 35 pares de bases (pb) cadena arriba (5') del sitio de inicio de la transcripción, o sitio de recubrimiento, que se define como posición +1 (Breathnach y Chambon, Ann. Rev. Biochem. 50: 349-383, 1981; Messing y col., En: Genetic Engineering of Plants, Kosuge y col., eds., pp. 211-227, 1983). Otro elemento común, la caja CCAAT, se localiza entre -70 y -100 pb. En plantas, la caja CCAAT puede tener una secuencia consenso diferente que la secuencia funcionalmente análoga de promotores de mamíferos (el análogo vegetal se ha denominado la “caja AGGA” para diferenciarla de su homólogo animal; Messing y col., en: Genetic Engineering of Plants, Kosuge y col., eds., pp. 211-227, 1983). Además, prácticamente todos los promotores incluyen secuencias de activación cadena arriba adicionales o potenciadores (Benoist y Chambon, Nature 290: 304-310, 1981; Gruss y col., Proc. Nat. Acad. Sci. USA 78: 943-947, 1981 y Khoury y Gruss, Cell 27:313-314, 1983) que se extienden de aproximadamente -100 pb a -1000 pb o más cadena arriba del sitio de inicio de la transcripción.

Cuando se fusionan con secuencias de ADN heterólogas, tales promotores normalmente provocan que la secuencia fusionada se transcriba de una manera que es similar a la de la secuencia génica con la que normalmente se asocia el promotor. Pueden añadirse fragmentos promotores que incluyen secuencias reguladoras (por ejemplo, fusionadas con el extremo 5', o insertadas dentro, de un promotor activo que tiene sus propias secuencias reguladoras parciales o completas (Fluhr y col., Science 232: 1106-1112, 1986; Ellis y col., EMBO J. 6: 11-16, 1987; Strittmatter y Chua, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 84: 8986-8990, 1987; Poulsen y Chua, Mol. Gen. Genet. 214: 16-23, 1988; Comai y col., Plant Mol. Biol. 15: 373-381, 1991). Como alternativa, pueden añadirse secuencias reguladoras heterólogas a la región cadena arriba 5' de un promotor inactivo truncado, por ejemplo, un promotor que incluye solamente la TATA central y, en ocasiones, los elementos CCAAT (Fluhr y col., Science 232: 1106-1112, 1986; Strittmatter y Chua, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 84: 8986-8990, 1987; Aryan y col., Mol. Gen. Genet. 225: 65-71, 1991).

Los promotores normalmente comprenden múltiples “elementos reguladores transcripcionales que actúan en *cis*” distintos, o simplemente “elementos en *cis*”, cada uno de los cuales confiere un aspecto diferente del control global de la expresión génica (Strittmatter y Chua, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 84: 8986-8990, 1987; Ellis y col., EMBO J. 6: 11-16, 1987; Benfey y col., EMBO J. 9: 1677-1684, 1990). Los “elementos en *cis*” se unen a factores proteicos que actúan en *trans* que regulan la transcripción. Algunos elementos en *cis* se unen a más de un factor, y los factores de transcripción que actúan en *trans* pueden interaccionar con diferentes afinidades con más de un elemento en *cis* (Johnson y McKnight, Ann. Rev. Biochem. 58: 799-839, 1989). Se analizan factores de transcripción de plantas, elementos en *cis* correspondientes, y análisis de su interacción, por ejemplo, en: Martin, Curr. Opinions Biotech. 7: 130-138, 1996; Murai, en: Methods in Plant Biochemistry and Molecular Biology, Dashek, ed., CRC Press, 1997, pp. 397-422 y Methods in Plant Molecular Biology, Maliga y col., eds., Cold Spring Harbor Press, 1995, pp. 233-300. Las secuencias promotoras de la presente invención pueden contener “elementos en *cis*” que confieren o modulan la

expresión génica.

Los elementos en *cis* pueden identificarse por medio de varias técnicas, incluyendo análisis de delección, es decir, deleccionar uno o más nucleótidos del extremo 5' o internos de un promotor; análisis de proteína de unión a ADN usando huella de ADNasa I, interferencia de metilación, ensayos de desplazamiento de movilidad en electroforesis, huella genómica *in vivo* por PCR mediada por ligación y otros ensayos convencionales; o por similitud de secuencia con motivos de elementos en *cis* conocidos por procedimientos de comparación de secuencia convencionales. La estructura fina de un elemento en *cis* puede estudiarse además por mutagénesis (o sustitución) de uno o más nucleótidos del elemento o por otros procedimientos convencionales (véase por ejemplo, *Methods in Plant Biochemistry and Molecular Biology*, Dashek, ed., CRC Press, 1997, pp. 397-422 y *Methods in Plant Molecular Biology*, Maliga y col., eds., Cold Spring Harbor Press, 1995, pp. 233-300).

Los elementos en *cis* pueden obtenerse por síntesis química o por clonación de promotores que incluyen tales elementos. Los elementos en *cis* también pueden sintetizarse con secuencias flanqueantes adicionales que contienen sitios de enzimas de restricción útiles para facilitar manipulación posterior. En una realización, los promotores están comprendidos por múltiples "elementos en *cis*" distintos. En una realización preferente se identifican regiones de secuencias que comprenden "elementos en *cis*" de las secuencias de ácido nucleico de SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, utilizando programas de ordenador que incluyen, pero sin limitación, MEME o SIGNALSCAN, que están diseñados de forma específica para identificar elementos en *cis*, o dominios o motivos dentro de las secuencias.

La presente invención incluye fragmentos o elementos en *cis* de SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, u homólogos de elementos en *cis* conocidos por efectuar regulación génica que muestran homología con las secuencias de ácido nucleico de la presente invención. Tales fragmentos de ácido nucleico pueden incluir cualquier región de las secuencias desveladas. Las regiones promotoras o regiones promotoras parciales de la presente invención como se muestran en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, pueden contener al menos un elemento regulador que incluye, pero sin limitación, "elementos en *cis*" o dominios que tienen la capacidad de regular la expresión de secuencias de ADN unidas operativamente, tal como en tejidos reproductivos masculinos.

Los promotores vegetales también pueden incluir promotores producidos a través de la manipulación de promotores conocidos para producir promotores sintéticos, quiméricos o híbridos. Tales promotores también pueden combinar elementos en *cis* de uno o más promotores, por ejemplo, añadiendo una secuencia reguladora heteróloga a un promotor activo con sus propias secuencias reguladoras parciales o completas (Ellis y col., *EMBO J.* 6: 11-16, 1987; Strittmatter y Chua, *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 84: 8986-8990, 1987; Poulsen y Chua, *Mol. Gen. Genet.* 214: 16-23, 1988; Comai y col., *Plant. Mol. Biol.* 15: 373-381, 1991). También se han desarrollado promotores quiméricos añadiendo una secuencia reguladora heteróloga a la región cadena arriba 5' de un promotor inactivo truncado, es decir un promotor que incluye solamente la TATA central y, opcionalmente, los elementos CCAAT (Fluhr y col., *Science* 232: 1106-1112, 1986; Strittmatter y Chua, *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 84: 8986-8990, 1987; Aryan y col., *Mol. Gen. Genet.* 225: 65-71, 1991).

Los promotores quiméricos o híbridos de acuerdo con la presente invención pueden incluir al menos un elemento en *cis* conocido tal como elementos que se regulan por numerosos factores ambientales tales como luz, calor o estrés; elementos que se regulan o inducen por patógenos o agentes químicos y similares. Tales elementos pueden regular de forma positiva o negativa la expresión génica, dependiendo de las condiciones. Los ejemplos de elementos en *cis* incluyen, pero sin limitación, elementos sensibles a oxígeno (Cowen y col., *J. Biol. Chem.* 268(36): 26904, 1993), elementos reguladores de la luz (véase, por ejemplo Bruce y Quail, *Plant Cell* 2: 1081, 1990 y Bruce y col., *EMBO J.* 10: 3015, 1991), un elemento en *cis* sensible a tratamiento con metil jasmonato (Beaudoin y Rothstein, *Plant Mol. Biol.* 33: 835, 1997), elementos sensibles a ácido salicílico (Strange y col., *Plant J.* 11: 1315, 1997), elementos de respuesta a choque térmico (Pelham y col., *Trends Genet.* 1: 31, 1985), elementos sensibles a heridas y estrés abiótico (Loace y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 89: 9230, 1992; Mhiri y col., *Plant Mol. Biol.* 33: 257, 1997), elementos sensibles al frío (Baker y col., *Plant Mol. Biol.* 24: 701, 1994; Jiang y col., *Plant Mol. Biol.* 30: 679, 1996; Nordin y col., *Plant Mol. Biol.* 21: 641, 1993; Zhou y col., *J. Biol. Chem.* 267: 23515, 1992), y elementos sensibles a sequía (Yamaguchi y col., *Plant Cell* 6: 251-264, 1994; Wang y col., *Plant Mol. Biol.* 28: 605, 1995; Bray E. A. *Trends in Plant Science* 2: 48, 1997).

En otra realización, las secuencias de nucleótidos como se muestran en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, incluyen cualquier longitud de dichas secuencias de nucleótidos que tienen la capacidad de regular una secuencia de ADN unida operativamente. Por ejemplo, las secuencias como se desvelan en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, pueden estar truncadas o tener porciones delecionadas y aún tener la capacidad de regular la transcripción de una secuencia de ADN unida operativamente. En una realización relacionada, un elemento en *cis* de las secuencias desveladas puede conferir una especificidad particular, de forma que confieren la expresión

potenciada de secuencias de ADN unidas operativamente en determinados tejidos. Por consiguiente, pueden utilizarse como secuencias reguladoras cualquiera de los fragmentos de secuencia, porciones o regiones de las secuencias desveladas de SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, incluyendo, pero sin limitación, elementos en *cis* o motivos de las secuencias desveladas. Por ejemplo, pueden delecionarse una o más pares de bases del extremo 5' o 3' de una secuencia promotora para producir un promotor "truncado". También pueden insertarse, delecionarse o sustituirse de forma interna a una secuencia promotora uno o más pares de bases. Los promotores pueden construirse de forma que los fragmentos de promotor o elementos estén unidos operativamente, por ejemplo, colocando tal fragmento cadena arriba de un promotor mínimo. Un promotor mínimo o basal es un trozo de ADN que tiene la capacidad de incorporar o unir la maquinaria de transcripción basal. Un ejemplo de maquinaria de transcripción basal en células eucariotas es el complejo de la ARN polimerasa II y sus proteínas accesorias. Los componentes enzimáticos de la maquinaria de transcripción basal tienen la capacidad de iniciar o elongar la transcripción de un gen dado, utilizando un promotor mínimo o basal. Es decir, no hay secuencias que actúan en *cis* añadidas en la región promotora que tengan la capacidad de incorporar o de unir factores de transcripción que modulan la transcripción, por ejemplo, que potencian, reprimen, hacen a la transcripción dependiente de hormonas, etc. Para producir una construcción final pueden combinarse sustituciones, delecciones, inserciones o cualquier combinación de las mismas.

Las secuencias promotoras de la presente invención pueden modificarse, por ejemplo para la expresión en otros sistemas vegetales. En otro enfoque, los promotores híbridos nuevos pueden diseñarse o modificarse por ingeniería genética mediante varios procedimientos. Muchos promotores contienen secuencias cadena arriba que activan, potencian o definen la fuerza y/o especificidad del promotor (Atchison, Ann. Rev. Cell Biol. 4: 127, 1988). Los genes de ADN T, por ejemplo que contienen cajas "TATA" que definen el sitio de inicio de la transcripción y otros elementos cadena arriba localizados cadena arriba del sitio de inicio de la transcripción, modulan los niveles de transcripción (Gelvin, en: Transgenic Plants (Kung, S.-D. y Us, R., eds, San Diego: Academic Press, pp.49-87, 1988). Otro promotor quimérico combinó un trímero del activador de octopina sintasa (*ocs*) con el activador de manopina sintasa (mas) más promotor y se ha indicado un aumento de la expresión de un gen indicador (Min Ni y col., The Plant Journal 7: 661, 1995). Las secuencias reguladoras cadena arriba de la presente invención pueden usarse para la construcción de tales promotores quiméricos o híbridos. Los procedimientos para construcción de promotores variantes de la presente invención incluyen pero sin limitación combinar elementos de control de diferentes promotores o duplicar partes o regiones de un promotor (véase por ejemplo Patente de Estados Unidos 5.110.732 y Patente de Estados Unidos 5.097.025). Los expertos en la materia están familiarizados con las condiciones específicas y procedimientos para la construcción, manipulación y aislamiento de macromoléculas (por ejemplo, moléculas de ADN, plásmidos, etc.), generación de organismos recombinantes y la exploración y aislamiento de genes (véase por ejemplo Sambrook y col., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press, 1989; Mailga y col., Methods in Plant Molecular Biology, Cold Spring Harbor Press, 1995; Birren y col., Genome Analysis: volumen 1, Analyzing DNA, (1997), volumen 2, Detecting Genes, (1998), volumen 3, Cloning Systems, (1999) volumen 4, Mapping Genomes, (1999), Cold Spring Harbor, Nueva York).

El diseño, la construcción y el uso de promotores quiméricos o híbridos que comprenden uno o más de los elementos en *cis* de la SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, para modular o regular la expresión de secuencias de ácido nucleico unidas operativamente, también están abarcados por la presente invención.

Las secuencias promotoras, fragmentos, regiones o elementos en *cis* de los mismos, de la SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NOS:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, son capaces de transcribir secuencias de ADN unidas operativamente en múltiples tejidos y por lo tanto puede regular selectivamente la expresión de genes en múltiples tejidos.

Para varios rasgos agrícolas, la transcripción de un gen o genes de interés es deseable en múltiples tejidos para conferir la característica o características deseadas. La disponibilidad de promotores adecuados que regulen la transcripción de genes unidos operativamente en tejidos diana seleccionados de interés es deseable, puesto que puede no ser deseable expresar un gen en cada tejido, sino solamente en ciertos tejidos. Por ejemplo, si se desea expresar selectivamente un gen diana para expresión de gen para tolerancia a herbicidas, se puede desear expresión del gen de tolerancia a herbicidas en tejidos vegetativos y reproductores. Las secuencias promotoras de la presente invención son útiles para regular la expresión génica en múltiples tejidos incluyendo, pero sin limitación, tejidos del meristemo de crecimiento rápido, tejidos reproductivos masculinos (androceo) tales como polen, anteras y filamentos, y tejidos reproductivos femeninos (gineceo) tales como el estigma, estilo y ovarios, hojas, sépalos y pétalos. Los promotores de la presente invención tienen por lo tanto utilidad para expresión de genes de tolerancia a herbicida, por ejemplo, cuando se desea tolerancia en múltiples tejidos y estadios del desarrollo vegetal. Las secuencias promotoras de la presente invención tienen utilidad para regular la transcripción de cualquier gen diana incluyendo pero sin limitación genes para control de la fertilidad, rendimiento, tolerancia a insectos, tolerancia fúngica, tolerancia a herbicidas o cualquier rasgo deseable de interés. Los genes particularmente preferidos incluyen genes de tolerancia a herbicidas o genes de tolerancia a insectos.

En una realización, los promotores de la presente invención tienen particular utilidad para regular la expresión de un gen de tolerancia a herbicidas cuando se desee expresión de un gen en múltiples tejidos. Por ejemplo, el gen de tolerancia a herbicidas puede conferir tolerancia al herbicida glifosato. Los ejemplos de genes de tolerancia a glifosato adecuados incluyen, pero sin limitación genes de la EPSP sintasa resistente a glifosato o productos génicos que degradan glifosato tales como una glifosato oxidorreductasa y fosfonato N-acetil transferasa. Es importante tener una amplia diversidad de elecciones de elementos reguladores 5' para cualquier estrategia de biotecnología vegetal para tener elementos reguladores adecuados que sean más eficaces para el perfil de expresión deseado.

En otra realización, los promotores de la presente invención tienen utilidad para determinar la función génica. La función de muchos genes es desconocida y los promotores de la presente invención pueden usarse como elementos genéticos en una construcción para permitir una evaluación fenotípica de uno o más genes expresados en una orientación sentido o antisentido. Los promotores de la presente invención pueden ser componentes en una construcción de expresión en plantas desarrollada para un ensayo de alto rendimiento en el que se deseen altos niveles de expresión génica en tejidos constitutivos y reproductores.

Cualquier planta puede seleccionarse con respecto a la identificación de genes y secuencias reguladoras. Ejemplos de dianas vegetales adecuadas para el aislamiento de genes y secuencias reguladoras incluirían pero sin limitación alfalfa, manzana, albaricoque, *Arabidopsis*, alcachofa, rúcula, espárrago, aguacate, banana, cebada, judías, remolacha, mora, arándano, brócoli, coles de Bruselas, col, colza, cantalupo, zanahoria, mandioca, ricino, coliflor, apio, cereza, achicoria, cilantro, cítricos, clementinas, trébol, coco, café, maíz, algodón, arándano agrio, pepino, abeto de Douglas, berenjena, endivia, escarola, eucalipto, hinojo, higo, ajo, cucurbitáceas, uva, pomelo, melón verde, jícama, kiwi, lechuga, puerro, limón, lima, pino taeda, lino, mango, melón, champiñón, nectarina, nuez, avena, palma aceitera, colza, ocra, oliva, cebolla, naranja, una planta ornamental, palma, papaya, perejil, chirivía, guisante, melocotón, cacahuete, pera, pimiento, caqui, pino, piña, plátano, ciruela, granada, álamo, patata, calabaza gigante, membrillo, pino insigne, achicoria roja, rábano, colza, frambuesa, arroz, centeno, sorgo, pino del sur, soja, espinaca, calabaza, fresa, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, boniato, liquidámbar, tangerina, té, tabaco, tomate, triticale, césped, nabo, vid, sandía, trigo, ñames y calabacín. Son plantas particularmente preferidas para la identificación de secuencias reguladoras *Arabidopsis*, maíz, trigo, soja y algodón.

Las secuencias promotoras de la presente invención se aislaron de ADN vegetal de *Arabidopsis thaliana*. En una realización preferida, una construcción incluye las secuencias promotoras de la presente invención unidas operativamente con una secuencia transcribible junto con secuencias terminadoras y reguladoras adecuadas. Una construcción tal puede transformarse en una planta diana adecuada de interés. Cualquier planta puede usarse como un huésped adecuado para construcciones de ácido nucleico que comprenden las secuencias promotoras de la presente invención. Los ejemplos de plantas diana adecuadas de interés incluirían, pero sin limitación, alfalfa, brócoli, col, colza, coliflor, maíz, algodón, arándano agrio, pepino, lechuga, guisante, álamo, pino, patata, cebolla, arroz, frambuesa, soja, caña de azúcar, remolacha azucarera, girasol, tomate y trigo.

### **Procedimientos de Aislamiento y Modificación de Promotores**

Puede usarse cualquier variedad de procedimientos para aislar fragmentos de las secuencias promotoras desveladas en el presente documento. Puede usarse un enfoque basado en PCR para amplificar regiones flanqueantes de una biblioteca genómica de una planta usando información de secuencia disponible públicamente. Se conocen varios procedimientos por los expertos en la materia para amplificar secuencias de ADN desconocidas adyacentes a una región central de secuencia conocida. Los procedimientos incluyen pero sin limitación PCR inversa (PCRI), PCR vectorette, PCR en forma de Y enfoques de *walking* de genoma. Para la presente invención las moléculas de ácido nucleico se aislaron de *Arabidopsis* diseñando cebadores de PCR basados en información de secuencia disponible.

También pueden obtenerse fragmentos de ácido nucleico por otras técnicas tales como sintetizando directamente el fragmento por medios químicos, como se practica habitualmente usando un sintetizador de oligonucleótidos automático. También pueden obtenerse fragmentos por la aplicación de tecnología de reproducción de ácido nucleico, tal como la tecnología de PCR (reacción en cadena de la polimerasa) por técnicas de ADN recombinante generalmente conocidas por los expertos en la materia de biología molecular. Con respecto a la amplificación de una secuencia de ácido nucleico diana (por ejemplo por PCR) usando un par de cebadores de amplificación particular, las "condiciones de PCR rigurosas" se refieren a condiciones que permiten que el par de cebadores hibriden solamente con la secuencia de ácido nucleico diana con la que se uniría un cebador que tenga la secuencia de tipo silvestre correspondiente (o su complemento) y preferentemente para producir un producto de amplificación único.

Los expertos en la materia conocen procedimientos para preparación de ADN genómico de plantas. En un enfoque, pueden prepararse bibliotecas de ADN genómico de una especie seleccionada por digestión parcial con una enzima de restricción y seleccionando por tamaño los fragmentos de ADN dentro de un intervalo de tamaños particular. El ADN genómico puede clonarse en una construcción adecuada que incluye pero sin limitación un bacteriófago, y prepararse usando una construcción adecuada tal como un bacteriófago usando un kit de clonación adecuado de cualquier variedad de distribuidores (véase por ejemplo Stratagene, La Jolla CA o Gibco BRL, Gaithersburg, MD).

En otra realización, las secuencias de nucleótidos de los promotores desvelados en el presente documento pueden modificarse. Los expertos en la materia pueden crear moléculas de ADN que tengan variaciones en la secuencia de nucleótidos. Las secuencias de nucleótidos de la presente invención, como se muestran en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, pueden modificarse o alterarse para potenciar sus características de control. Por ejemplo, las secuencias pueden modificarse por inserción, delección o reemplazo de secuencias molde en una estrategia de modificación de ADN basada en PCR. Las moléculas de ADN "variante" son moléculas de ADN que contienen cambios en los que uno o más nucleótidos de una secuencia nativa se delecionan, añaden y/o sustituyen, preferentemente mientras se mantiene de forma sustancial la función del promotor. En el caso de un fragmento de promotor, el ADN "variante" puede incluir cambios que afectan la transcripción de un promotor mínimo al cual está unido operativamente. Las moléculas de ADN variante pueden producirse, por ejemplo, mediante técnicas de mutagénesis de ADN convencionales o sintetizando de forma química la molécula de ADN variante o una porción de la misma.

Además de su uso en la modulación de la expresión génica, las secuencias promotoras de la presente invención también tienen utilidad como sondas o cebadores en experimentos de hibridación de ácido nucleico. Las sondas y los cebadores de ácido nucleico de la presente invención pueden hibridar en condiciones rigurosas con una secuencia de ADN diana. La expresión "condiciones de hibridación rigurosas" se define como condiciones en las que una sonda o cebador hibrida específicamente con una secuencia o secuencias diana y no con secuencias no diana, como se puede determinar de forma empírica. La expresión "condiciones rigurosas" se define funcionalmente con respecto a la hibridación de una sonda de un ácido nucleico un ácido nucleico diana (es decir, con una secuencia de ácido nucleico particular de interés) mediante el procedimiento de hibridación específico (véase por ejemplo Sambrook y col., 1989, en 9.52-9.55, Sambrook y col., 1989 en 9.47-9.52, 9.56-9.58; Kanehisa, Nucl. Acids Res. 12:203-213, 1984; y Wetmur y Davidson, J. Mol. Biol. 31:349-370, 1968). Las condiciones de rigurosidad apropiada que promueven la hibridación de ADN son, por ejemplo, cloruro sódico /citrato sódico (SSC) 6,0 x a aproximadamente 45 °C, seguido de un lavado de SSC 2,0 x a 50 °C, se conocen por los expertos en la materia o pueden encontrarse en manuales de laboratorio que incluyen pero sin limitación, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y., 1989, 6.3.1-6.3.6. Por ejemplo, la concentración salina en la etapa de lavado puede seleccionarse de una baja rigurosidad de aproximadamente SSC 2,0 x a 50 °C hasta una alta rigurosidad de aproximadamente SSC 0,2 x a 50 °C. Además, la temperatura en la etapa de lavado puede aumentarse de condiciones de baja rigurosidad a temperatura ambiente, aproximadamente a 22 °C, a condiciones de alta rigurosidad a aproximadamente 65 °C. Tanto la temperatura como la sal pueden variarse, o la temperatura o la concentración salina pueden mantenerse constantes mientras que la otra variable se cambia. Por ejemplo, la hibridación usando sondas de ADN o ARN o cebadores puede realizarse a 65 °C en SSC 6x, SDS 0,5 %, Denhardt 5x, ADN no específico 100 µg/ml (por ejemplo, ADN de esperma de salmón tratado con ultrasonido) con lavado a SSC 0,5x, SDS 0,5 % a 65 °C, para alta rigurosidad.

Se dice que una molécula de ácido nucleico es el "complemento" de otra molécula de ácido nucleico si muestran complementariedad completa. Como se usa en el presente documento, se dice que las moléculas muestran "complementariedad completa" cuando cada nucleótido de una de las moléculas es complementario de un nucleótido de la otra. Se dice que dos moléculas son mínimamente complementarias si pueden hibridar entre sí con suficiente estabilidad para permitir que permanezcan hibridadas entre sí en al menos condiciones de "baja rigurosidad" convencionales. De forma similar, se dice que las moléculas son "complementarias" si pueden hibridar entre sí con suficiente estabilidad para permitir que se mantengan hibridadas entre sí en condiciones de "alta rigurosidad" convencionales. Se contempla que pueden usarse condiciones de hibridación de rigurosidad más baja tales como temperaturas de lavado y/o hibridación más bajas para identificar secuencias relacionadas que tengan un grado más bajo de similitud de secuencia si se conserva especificidad de unión de la sonda o cebador con secuencia o secuencias diana. En consecuencia, las secuencias de nucleótidos de la presente invención pueden usarse por su capacidad para formar selectivamente moléculas de doble cadena con tramos complementarios de fragmentos de ADN. Se conoce bien por los expertos en la materia la detección de segmentos de ADN mediante hibridación, y por lo tanto, dependiendo de la aplicación prevista, se deseará emplear diversas condiciones de hibridación para conseguir diversos grados de selectividad de sonda hacia secuencia diana y el procedimiento de elección dependerá de los resultados deseados. Se describen condiciones de rigurosidad convencionales en Sambrook, y col., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2ª Ed., Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, Nueva York, 1989, y por Haymes y col., Nucleic Acid Hybridization, A Practical Approach, IRL Press, Washington, DC, 1985.

En una realización de la presente invención, las secuencias de ácido nucleico SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, o un fragmento, región, elemento en *cis*, u oligómero de estas secuencias, se usa en ensayos de hibridación de otros tejidos vegetales para identificar genes homólogos o cercanamente relacionados y secuencias reguladoras asociadas. Estos incluyen pero sin limitación ensayos de hibridación de Southern o northern en cualquier sustrato incluyendo pero sin limitación un tejido vegetal preparado de forma apropiada, celulosa, nylon o filtro de combinación, microplaca o portaobjetos de vidrio. Dichas metodologías se conocen bien en la técnica y están disponibles en un kit o preparación que puede proporcionarse por proveedores comerciales.

Un fragmento de un ácido nucleico como se usa en el presente documento es una parte del ácido nucleico que es menor de longitud completa. Por ejemplo, para la presente invención cualquier longitud de secuencia de nucleótidos que sea menor que las secuencias de nucleótidos desveladas de SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26, se considera un

5 fragmento. Un fragmento también puede comprender al menos una longitud mínima capaz de hibridar específicamente con un ácido nucleico nativo en condiciones de hibridación rigurosas como se han definido anteriormente. La longitud de un fragmento mínimo tal es preferentemente de al menos 8 nucleótidos, más preferentemente 15 nucleótidos, incluso más preferentemente al menos 20 nucleótidos, y más preferentemente al menos 30 nucleótidos de una secuencia de ácido nucleico nativa.

10 Una "sonda" es un ácido nucleico aislado al que se une un marcador detectable convencional o molécula indiciadora, por ejemplo, un isótopo radiactivo, ligando, agente quimioluminiscente o enzima. Los "cebadores" son ácidos nucleicos aislados que hibridan con una cadena de ADN diana complementaria por hibridación de ácido nucleico para formar un híbrido entre el cebador y la cadena de ADN diana, después se extiende a lo largo de la

15 cadena de ADN diana por una polimerasa, por ejemplo, una ADN polimerasa. Pueden usarse pares de cebadores para amplificación de una secuencia de ácido nucleico, por ejemplo, mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) u otros procedimientos de amplificación de ácido nucleico convencionales.

Las sondas y los cebadores son generalmente de 11 nucleótidos o más de longitud, preferentemente 18 nucleótidos o más, más preferentemente 25 nucleótidos y más preferentemente 30 nucleótidos o más. Tales sondas y cebadores hibridan específicamente con una secuencia de ADN o ARN diana en condiciones de hibridación de alta rigurosidad e hibridan específicamente con una secuencia nativa diana de otra especie en condiciones de rigurosidad más baja. Preferentemente, las sondas y los cebadores de acuerdo con la presente invención tienen similitud de secuencia completa con la secuencia nativa, aunque pueden diseñarse sondas que difieran de la secuencia nativa y que conserven la capacidad para hibridar con las secuencias nativas diana por procedimientos convencionales. Se describen procedimientos para preparar y usar sondas y cebadores, por ejemplo, en Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2ª ed., vol. 1-3, ed. Sambrook y col., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989 (en lo sucesivo en el presente documento "Sambrook y col., 1989"); Current Protocols in Molecular Biology, ed. Ausubel y col., Greene Publishing and Wiley-Interscience, Nueva York, 1992 (con actualizaciones periódicas) (en lo sucesivo en el presente documento, "Ausubel y col., 1992"); e Innis y col., PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press: San Diego, 1990. Pueden derivarse pares de

20 cebadores de PCR de una secuencia conocida, por ejemplo, mediante el uso de programas informáticos pretendidos para ese fin tales como Primer (Versión 0.5, © 1991, Whitehead Institute for Biomedical Research, Cambridge, MA). Pueden usarse cebadores y sondas basados en las secuencias promotoras nativas desveladas en el presente documento para confirmar y, si es necesario, modificar las secuencias desveladas por procedimientos convencionales, por ejemplo, volviendo a clonar y volviendo a secuenciar.

### 35 **Construcciones y Construcciones de Expresión**

Pueden incorporarse ácidos nucleicos nativos o sintéticos de acuerdo con la presente invención en construcciones de ácidos nucleicos recombinantes, normalmente construcciones de ADN, capaces de introducción y replicación en una célula huésped. En una realización preferida, las secuencias de nucleótidos de la presente invención como se muestran en la SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NOS:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, o fragmentos, variantes o derivados de las mismas, se incorporan en un casete de expresión que incluye las regiones promotoras de la presente invención unidas operativamente con un componente genético tal como gen marcador seleccionable, explorable o puntuable.

En otra realización, las secuencias de ácido nucleico desveladas de la presente invención como se muestran en la SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NOS:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30 se unen operativamente con un componente genético tal como un ácido nucleico que confiere una característica deseable asociada con morfología, fisiología, crecimiento y desarrollo de plantas, rendimiento, potenciación nutricional, resistencia a enfermedad o plaga, o tolerancia ambiental o química. Estos componentes genéticos tales como genes marcadores

45 o genes agrónomos de interés pueden actuar en la identificación de una célula vegetal o planta transformada o producir un producto de utilidad desde el punto de vista agronómico.

En otra realización, un componente genético produce un producto que actúa como un dispositivo de selección y actúa en un tejido vegetal regenerable para producir un compuesto que conferiría al tejido vegetal resistencia a un compuesto de otro modo tóxico. Los genes de interés para su uso como un marcador seleccionable, explorable o

50 puntuable incluirían pero sin limitación GUS (secuencia codificante de beta-glucuronidasa), GFP (secuencia codifican de proteína verde fluorescente), LUX (gen codificante de luciferasa), genes marcadores de resistencia a antibióticos o genes de tolerancia a herbicidas. Los ejemplos de transposones y genes de resistencia a antibióticos asociados incluyen los transposones Tns (bla), Tn5 (nptII), Tn7 (dhfr), penicilinas, kanamicina (y neomicina, G418, bleomicina); metotrexato (y trimetoprim); cloranfenicol; kanamicina y tetraciclina.

Se han perfilado características útiles para marcadores seleccionables en plantas en un informe sobre el uso de microorganismos (Comité Consultivo sobre Nuevos Alimentos y Procedimientos, julio de 1994). Estas incluyen selección rigurosa con número mínimo de tejidos no transformados, grandes números de acontecimientos de transformación independientes sin interferencia significativa con la regeneración, aplicación a un gran número de especies y disponibilidad de un ensayo para puntuar los tejidos con respecto a presencia del marcador.

Se conocen en la técnica varios genes marcadores seleccionables y varios marcadores de resistencia a antibióticos satisfacen estos criterios, incluyendo los resistentes a kanamicina (nptII), higromicina B (aph IV) y gentamicina (aac3 y aacC4). Los genes marcadores seleccionables dominantes útiles incluyen genes que codifican genes de resistencia a antibióticos (por ejemplo, resistencia a higromicina, kanamicina, bleomicina, G418, estreptomycin o espectinomycin); y genes de resistencia a herbicidas (por ejemplo, fosfinotricin acetiltransferasa). Una estrategia útil para selección de transformantes para resistencia a herbicidas se describe, por ejemplo, en Vasil, Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants, Vols. I-III, Laboratory Procedures and Their Applications Academic Press, Nueva York, 1984. Serían genes marcadores seleccionables particularmente preferidos para su uso en la presente invención genes que confieran resistencia a compuestos tales como antibióticos como kanamicina, y herbicidas como glifosato (Della-Cioppa y col., Bio/Technology 5(6), 1987, Patente de Estados Unidos 5.463.175, Patente de Estados Unidos 5.633.435). Pueden implementarse también otros dispositivos de selección y aun quedarían dentro del ámbito de la presente invención.

Para la práctica de la presente invención, se emplean composiciones y procedimientos convencionales para preparar y usar construcciones de ADN y células hospedadoras, como se analiza, entre otros, en Sambrook y col., 1989. En una realización preferida, la célula huésped es una célula vegetal. Se han descrito varias construcciones de ADN adecuadas para transfección estable de células vegetales o para el establecimiento de plantas transgénicas en, por ejemplo, Pouwels y col., Cloning Vectors: A Laboratory Manual, 1985, sup. 1987; Weissbach y Weissbach, Methods for Plant Molecular Biology, Academic Press, 1989; Gelvin y col., Plant Molecular Biology Manual, Kluwer Academic Publishers, 1990 y R.R.D. Croy Plant Molecular Biology LabFax, BIOS Scientific Publishers, 1993. Las construcciones de expresión en plantas pueden incluir, por ejemplo, uno o más genes vegetales clonados bajo el control transcripcional de secuencias reguladoras 5' y 3'. También pueden incluir un marcador seleccionable como se describe para seleccionar células huésped que contienen la construcción de expresión. Tales construcciones de expresión en plantas también contienen una región reguladora del promotor (por ejemplo, una región reguladora que controla expresión inducible o constitutiva, regulada ambientalmente o por desarrollo o específica de célula o tejido), un sitio de inicio de la transcripción, un sitio de unión al ribosoma, una señal de procesamiento de ARN, un sitio de terminación de la transcripción y una señal de poliadenilación. Otras secuencias de origen bacteriano también se incluyen para permitir que la construcción se clone en un huésped bacteriano. La construcción normalmente también contendrá un origen de replicación procariota de serie de huéspedes amplia. En una realización particularmente preferida, la célula huésped es una célula vegetal y la construcción de expresión en plantas comprende una región promotora como se desvela en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NOS:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30; una secuencia transcribible unida operativamente; y una secuencia de terminación de la transcripción. Otras secuencias reguladoras previstas como componentes genéticos en una construcción de expresión incluyen pero sin limitación secuencia líder no traducida que puede acoplarse con el promotor. En una realización particularmente preferida, la célula huésped es una célula vegetal y la construcción de expresión en plantas comprende una región promotora como se desvela en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NOS:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30, una secuencia transcribible unida operativamente y una secuencia de terminación de la transcripción. Las construcciones de expresión en plantas también pueden comprender secuencias adicionales que incluyen pero sin limitación secuencias de poliligador que contienen sitios de enzimas de restricción que son útiles para fines de clonación.

### **Elementos Genéticos en Construcciones de Expresión en Plantas**

Las construcciones de expresión en plantas pueden incluir más de una secuencia génica expresable, cada una unida operativamente a un promotor diferente. Varios promotores tienen utilidad para expresión de genes en plantas para cualquier gen de interés incluyendo pero sin limitación marcadores seleccionables, marcadores puntuables, genes para tolerancia a plagas, tolerancia a enfermedad, potenciaciones nutricionales y cualquier otro gen de interés agrónomo. Los ejemplos de promotores constitutivos útiles para expresión de genes en plantas incluyen pero sin limitación, promotor P-35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), que confiere expresión de alto nivel constitutiva en la mayoría de los tejidos vegetales (véase, por ejemplo, Odel y col., Nature 313: 810, 1985), incluyendo monocotiledóneas (véase, por ejemplo, Dekeyser y col., Plant Cell 2: 591, 1990; Terada y Shimamoto, Mol. Gen. Genet. 220: 389, 1990); una versión del promotor 35S de CaMV duplicada en tándem; el promotor 35S potenciado (P-e35S) el promotor de nopalina sintasa (An y col., Plant Physiol. 88: 547, 1988), el promotor de octopina sintasa (Fromm y col., Plant Cell 1: 977, 1989); y el promotor del virus del mosaico de la escrofularia (P-FMV) como se describe en la Patente de Estados Unidos N°: 5.378.619 y una versión potenciada del promotor del FMV (P-eFMV) en donde la secuencia promotora de P-FMV está duplicada en tándem, el promotor 19S del virus del mosaico de la coliflor, un promotor del virus baciliforme de la caña de azúcar; un promotor del virus de manchas amarillas de commelina y otros promotores de virus de ADN de plantas que se sabe que se expresan en células vegetales.

- Puede usarse varios promotores de genes vegetales que se regulan en respuesta a señales ambientales, hormonales, químicas y/o de desarrollo para la expresión de un gen unido operativamente en células vegetales, incluyendo promotores regulados por (1) calor (Callis y col., *Plant Physiol.* 88: 965, 1988), (2) luz (por ejemplo, promotor *rbcS-3A* de guisante, Kuhlemeier y col., *Plant Cell* 1: 471, 1989; promotor *rbcS* del maíz, Schaffner y Sheen, *Plant Cell* 3: 997, 1991; o promotor de la proteína de unión a clorofila a/b, Simpson y col., *EMBO J.* 4: 2723, 1985), (3) hormonas, tales como ácido abscísico (Marcotte y col., *Plant Cell* 1:969, 1989), (4) heridas (por ejemplo, wunl, Siebertz y col., *Plant Cell* 1: 961, 1989); o (5) compuestos químicos tales como metil jasmonato, ácido salicílico o protector. También puede ser ventajoso emplear (6) promotores específicos de órganos (por ejemplo, Roshal y col., *EMBO J.* 6: 1155, 1987; Schernthaner y col., *EMBO J.* 7: 1249, 1988; Bustos y col., *Plant Cell* 1: 839, 1989).
- Los promotores de la presente invención son promotores vegetales que son capaces de transcribir secuencias de ADN unidas operativamente en tejido del meristemo que crece rápidamente y tejidos reproductivos y pueden unirse operativamente a cualquier gen de interés en una construcción de expresión.
- Las construcciones de expresión de plantas pueden incluir señales de procesamiento de ARN, por ejemplo, intrones, que pueden situarse cadena arriba o cadena abajo de una secuencia codificante de polipéptidos en el transgén. Además, las construcciones de expresión pueden incluir secuencias reguladoras adicionales de la región no traducida 3' de genes de plantas (Thornburg y col., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 84: 744 (1987); An y col., *Plant Cell* 1: 115 (1989), por ejemplo, una región terminadora 3' para aumentar la estabilidad del ARNm, tal como la región terminadora PI-II de patata o las regiones terminadoras 3' de octopina o nopalina sintasa. Las regiones no traducidas 5' de un ARNm pueden desempeñar un papel importante en el inicio de la traducción y también pueden ser un componente genético en una construcción de expresión en plantas. Por ejemplo, las secuencias líder 5' no traducidas derivadas de genes de proteínas de choque térmico han demostrado potenciar la expresión génica en plantas (véase, por ejemplo Patente de Estados Unidos 5.362.865). Estas secuencias reguladoras cadena arriba y cadena abajo adicionales pueden derivar de una fuente que es nativa o heteróloga con respecto a los otros elementos presente en la construcción de expresión.
- Las secuencias promotoras de la presente invención se usan para controlar la expresión génica en células vegetales. Las secuencias promotoras desveladas son componentes genéticos que son parte de construcciones usadas en transformación de plantas. Las secuencias promotoras de la presente invención pueden usarse con cualquier plásmido o construcción de transformación de plantas adecuado que contenga un marcador seleccionable o explorable y elementos reguladores asociados, como se describe, junto con uno o más ácidos nucleicos expresados de una manera suficiente para conferir un rasgo deseable particular. Los ejemplos de genes estructurales adecuados de interés agrónomo previstos por la presente invención incluirían pero sin limitación uno o más genes de tolerancia a insectos, tales como un gen de *Bacillus thuringiensis* (*B.t.*), tolerancia a plagas tales como genes para control de enfermedad fúngica, tolerancia a herbicida tal como genes que confieren tolerancia a glifosato, y genes para mejoras de calidad tales como rendimiento, mejoras nutricionales, tolerancias ambientales o a estrés, o cualquier cambio deseable en la fisiología, crecimiento, desarrollo, morfología vegetal o el producto o productos vegetales. Por ejemplo, los genes estructurales incluirían cualquier gen que confiera tolerancia a insectos incluyendo pero sin limitación un gen de proteína de combate de insectos de *Bacillus* como se describe en el documento WO 9931248, Patente de Estados Unidos N°: 5.689.052, Patentes de Estados Unidos N°: 5.500.365 y 5.880.275. En otra realización, el gen estructural puede conferir tolerancia al herbicida glifosato como se confiere por genes que incluyen, pero sin limitación gen de EPSPS resistente a glifosato de *Agrobacterium* cepa CP4 (*aroA:CP4*) como se describe en la Patente de Estados Unidos N°: 5.633.435, o gen de glifosato oxidorreductasa (GOX) como se describe en la Patente de Estados Unidos N°: 5.463.175.
- Como alternativa, las secuencias codificantes de ADN pueden efectuar estos fenotipos codificando una molécula de ARN no traducible que provoca la inhibición dirigida de expresión de un gen endógeno, por ejemplo mediante mecanismos mediados por antisentido o cosupresión (véase, por ejemplo, Bird y col., *Biotech. Gen. Engin. Rev.* 9: 207,1991). El ARN también podría ser una molécula de ARN catalítica (es decir, una ribozima) modificada por ingeniería genética para escindir un producto de ARNm endógeno deseado (véase por ejemplo, Gibson y Shillitoe, *Mol. Biotech.* 7: 125,1997). Por lo tanto, cualquier gen que produzca una proteína o ARNm que exprese un fenotipo o cambio de morfología de interés es útil para la práctica de la presente invención.
- Además de elementos reguladores o secuencias localizadas cadena arriba (5') o dentro de una secuencia de ADN, existen secuencias cadena abajo (3') que afectan a la expresión génica. Por lo tanto, la expresión secuencia reguladora como se usa en el presente documento se refiere a cualquier secuencia de nucleótidos localizada cadena arriba, dentro, o cadena abajo de una secuencia de ADN que controla, media en o afecta a la expresión de un producto génico junto con el aparato sintético proteico de la célula.
- Los expertos en la materia conocen las construcciones adecuadas para la transformación de plantas. Las secuencias promotoras de la presente invención se incorporan preferentemente en una construcción de expresión usando marcadores explorables o puntuables como se ha descrito y se ensayan en análisis transitorios para proporcionar un indicio de la expresión génica en plantas transformadas. Se conocen procedimientos para ensayar la expresión génica en ensayos transitorios por los expertos en la materia. Se ha indicado expresión transitoria de genes marcadores usando varias plantas, tejidos y sistemas de suministro de ADN. Por ejemplo, los tipos de análisis transitorios pueden incluir pero sin limitación dirigir el suministro génico mediante electroporación o bombardeo de

partículas de tejidos en cualquier ensayo de planta transitorio usando cualquier especie vegetal de interés. Tales sistemas transitorios incluirían pero sin limitación protoplastos de cultivos en suspensión en trigo (Zhou y col., Plant Cell Reports 12: 612, 1993), electroporación de protoplastos de hoja de trigo (Sethi y col., J. Crop Sci. 52: 152, 1983); electroporación de protoplasto preparado a partir de tejido de maíz (Sheen, J. The Plant Cell 3: 225, 1991) o bombardeo de partículas de tejidos específicos de interés. La presente invención abarca el uso de cualquier sistema de expresión transitorio para evaluar secuencias reguladoras unidas operativamente a genes indicadores seleccionados, genes marcadores o genes autónomos de interés. Los ejemplos de tejidos vegetales que se ha previsto ensayar en transitorios mediante un sistema de suministro apropiado incluirían pero sin limitación tejidos de base de las hojas, callos, cotiledones, raíces, endospermos, embriones, tejido floral, polen y tejido epidérmico.

Puede usarse cualquier marcador puntuable o explorable en un ensayo transitorio. Los genes marcadores preferidos para análisis transitorios de los promotores de secuencias reguladoras 5' de la presente invención incluyen un gen de  $\beta$ -glucuronidasa (GUS) o un gen de proteína verde fluorescente (GFP). Las construcciones de expresión que contienen las secuencias reguladoras 5' unidas operativamente a un gen marcador se suministran a los tejidos y los tejidos se analizan por el mecanismo apropiado, dependiendo del marcador. Los análisis cuantitativos o cualitativos se usan como una herramienta para evaluar el perfil de expresión potencial de las secuencias reguladoras 5' cuando se unen operativamente a genes de interés agrónomo en plantas estables. En última instancia, las secuencias reguladoras 5' de la presente invención se incorporan directamente en construcciones de expresión de transformación de plantas adecuadas que comprenden las secuencias reguladoras 5' unidas operativamente a una secuencia de ADN transcribible de interés, se transforman en plantas y las plantas transformadas de forma estable y descendencia de las mismas se analizan con respecto al perfil de expresión deseado conferido por las secuencias reguladoras 5'.

Las construcciones de expresión adecuadas para introducir ADN exógeno en células vegetales incluirían pero sin limitación plásmidos Ti desarmados para procedimientos mediados por *Agrobacterium*. Estas construcciones pueden contener un marcador de resistencia, límites de ADN T 1-2 y orígenes de replicación para *E. coli* y *Agrobacterium* junto con uno o más genes de interés y regiones reguladoras asociadas. Los expertos en la materia saben que están disponibles para enfoques mediados por *Agrobacterium* varias cepas y procedimientos. Tales cepas incluirían pero sin limitación cepas de *Agrobacterium* C58, LBA4404, EHA101 y EHA105. Son cepas particularmente preferidas las cepas de *Agrobacterium tumefaciens*.

Ácidos nucleicos a modo de ejemplo que pueden introducirse por los procedimientos abarcados por la presente invención incluyen, por ejemplo, secuencias de ADN o genes de otras especies, o incluso genes o secuencias que se originan con o están presentes en la misma especie, pero se incorporan en células receptoras por procedimientos de ingeniería genética en vez de técnicas de reproducción o cultivo clásicas. Sin embargo, el término "exógeno" también pretende referirse a genes que normalmente no están presentes en la célula que se transforma, o quizá simplemente no están presentes en la forma, estructura, etc., como se haya en el segmento de ADN transformante o gen o genes que normalmente están presentes y que se desea expresar de una manera que difiere del patrón de expresión natural, por ejemplo, sobreexpresar. Por lo tanto, el término gen "exógeno" o ADN pretende referirse a cualquier gen o segmento de ADN que se introduce en una célula receptora, independientemente de si un gen similar ya está presente en una célula tal. El tipo de ADN incluido en el ADN exógeno puede incluir ADN que ya está presente en la célula vegetal, ADN de otra planta, ADN de un organismo diferente o un ADN generado de forma externa, tal como secuencia de ADN que contiene un mensaje antisentido de un gen, o una secuencia de ADN que codifica una versión sintética o modificada de un gen.

Las construcciones de transformación de plantas que contienen las secuencias promotoras de la presente invención pueden introducirse en plantas por cualquier procedimiento de transformación de plantas. Están disponibles varios procedimientos para introducir secuencias de ADN en células vegetales y se conocen bien en la técnica. Los procedimientos adecuados incluyen pero sin limitación infección bacteriana (por ejemplo, con *Agrobacterium* como se ha descrito anteriormente), construcciones de cromosoma artificial de bacterias binarios, suministro directo de ADN (por ejemplo, mediante transformación mediada por PEG, captación de ADN mediada por desecación/inhibición, electroporación, agitación con fibras de carburo de silicio), y aceleración de partículas revestidas con ADN (revisado en Potrykus, Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 42: 205, 1991).

Los procedimientos para transformar específicamente dicotiledóneas usan principalmente *Agrobacterium tumefaciens*. Por ejemplo, las plantas transgénicas indicadas incluyen pero sin limitación algodón (Patente de Estados Unidos Nº 5.004.863; Patente de Estados Unidos Nº 5.159.135; Patente de Estados Unidos Nº 5.518.908, documento WO 97/43430), soja (Patente de Estados Unidos Nº 5.569.834; Patente de Estados Unidos Nº 5.416.011; McCabe y col., Bio/Technology, 6:923, 1988; Christou y col., Plant Physiol., 87:671, 1988); Brassica (Patente de Estados Unidos Nº 5.463.174), y cacahuete (Cheng y col., Plant Cell Rep., 15: 653, 1996).

Se han presentado procedimientos similares en la transformación de monocotiledóneas. La retransformación y regeneración de plantas usando estos procedimientos se ha descrito para varios cultivos incluyendo pero sin limitación espárragos (*Asparagus officinalis*; Bytebier y col., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 84: 5345, 1987); cebada (*Hordeum vulgare*; Wan y Lemaux, Plant Physiol., 104: 37, 1994); maíz (*Zea mays*; Rhodes, C.A., y col., Science, 240: 204, 1988; Gordon-Kamm, y col., Plant Cell, 2: 603, 1990; Fromm, y col., Bio/Technology, 8: 833, 1990; Kozziel, y col., Bio/Technology, 11: 194, 1993); avena (*Avena sativa*; Somers, y col., Bio/Technology, 10: 1589, 1992);

5 *Dactylis* (*Dactylis glomerata*; Horn, y col., Plant Cell Rep., 7: 469, 1988); arroz (*Oryza sativa*, incluyendo variedades  
 10 índica y japónica, Toriyama, y col., Bio/Technology, 6: 10, 1988; Zhang, y col., Plant Cell Rep., 7: 379, 1988; Luo y  
 Wu, Plant Mol. Biol. Rep., 6: 165, 1988; Zhang y Wu, Theor. Appl. Genet., 76: 835, 1988; Christou, y col.,  
 Bio/Technology, 9: 957, 1991); sorgo (*Sorghum bicolor*; Casas, A.M., y col., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 90: 11212,  
 1993); caña de azúcar (*Saccharum spp.*; Bower y Birch, Plant J., 2: 409, 1992); festuca alta (*Festuca arundinacea*;  
 Wang, Z.Y. y col., Bio/Technology, 10: 691, 1992); césped (*Agrostis palustris*; Zhong y col., Plant Cell Rep., 13: 1,  
 1993); trigo (*Triticum aestivum*; Vasil y col., Bio/Technology, 10: 667, 1992; Weeks T., y col., Plant Physiol., 102:  
 1077, 1993; Becker, y col., Plant, J. 5: 299, 1994), y alfalfa (Masoud, S.A., y col., Transgen. Res., 5: 313, 1996).  
 Resulta evidente para los expertos en la materia que pueden usarse varias metodologías de transformación para  
 producción de plantas transgénicas estables de cualquier variedad de cultivos diana de interés.

### **Procedimientos de análisis de plantas**

15 Las plantas transformadas se analizan con respecto a la presencia de los genes de interés y el nivel de expresión  
 y/o perfil conferido por las secuencias promotoras de la presente invención. Los expertos en la materia conocen  
 numerosos procedimientos disponibles para análisis de plantas transformadas. Se usan varios procedimientos para  
 evaluar la expresión génica y determinar si el gen o los genes introducidos se integran, actúan de forma apropiada y  
 se heredan como se esperaba. Para la presente invención los promotores pueden evaluarse determinando los  
 niveles de expresión de genes con los que se unen operativamente los promotores. Una evaluación preliminar de la  
 función promotora puede determinarse por un procedimiento de ensayo transitorio usando genes indicadores, pero  
 una evaluación promotora más definitiva puede determinarse a partir del análisis de plantas estables. Los  
 20 procedimientos para análisis de plantas incluyen pero sin limitación transferencias de Southern o transferencias de  
 Northern, enfoques basados en PCR, análisis bioquímicos, procedimientos de exploración fenotípicos, evaluaciones  
 de campo y ensayos inmunodiagnósticos.

25 Los procedimientos de la presente invención incluyen pero sin limitación tecnologías de PCR, aislamiento de ADN  
 genómico, construcción de una construcción de expresión, ensayos transitorios y se conocen bien por los expertos  
 en la materia procedimientos de transformación de plantas y se llevan a cabo usando técnicas convencionales o  
 modificaciones de las mismas.

### **Ensayos de pulverización de glifosato**

30 En una realización se lleva a cabo una evaluación de invernadero o de campo con respecto a la tolerancia de  
 glifosato. El término "glifosato" se usa en el presente documento para referirse colectivamente al herbicida parental  
 N-fosfonometilglicina (conocido de otro modo como ácido de glifosato), a una sal o éster del mismo, o a un  
 compuesto que se convierte a N-fosfonometilglicina en tejidos vegetales o que proporciona de otro modo N-  
 fosfonometilglicina en forma iónica (conocido de otro modo como ión glifosato). De forma ilustrativa, se desvelan  
 sales de glifosato solubles en agua útiles en el presente documento en las Patentes de Estados Unidos N° 3.799.758  
 y N° 4.405.531 de Franz. Las sales de glifosato que pueden usarse de acuerdo con la presente invención incluyen  
 35 pero sin restricción metales alcalinos, por ejemplo sodio y potasio, sales; sal de amonio; sales de C<sub>1-16</sub> alquilamonio,  
 por ejemplo dimetilamonio e isopropilamonio; sal de C<sub>1-16</sub> alcanolamonio, por ejemplo monoetanolamonio; sales de  
 C<sub>1-16</sub> alquilsulfonio, por ejemplo trimetilsulfonio; mezclas de los mismos y similares. La molécula de ácido de glifosato  
 tiene tres sitios ácidos que tienen diferentes valores de pKa; en consecuencia pueden usarse sales mono, di y  
 tribásicas o cualquier mezcla de las mismas, o sales de cualquier nivel intermedio de neutralización.

40 Las sales de glifosato son significativas comercialmente en parte debido a que son solubles en agua. Muchas sales  
 de amonio, alquilamonio, alcanolamonio, alquilsulfonio y metales alcalinos son altamente solubles en agua, lo que  
 permite su formulación como soluciones acuosas altamente concentradas que pueden diluirse en agua en el punto  
 de uso.

45 Dichas soluciones acuosas concentradas pueden contener de aproximadamente 50 a aproximadamente 500 g por  
 litro de glifosato, expresado como equivalente de ácido (g e.a./l). Se prefieren mayores concentraciones de glifosato,  
 por ejemplo de aproximadamente 300 a aproximadamente 500 g e.a./l.

50 Las sales de glifosato se formulan de manera alternativa como composiciones solubles en agua o dispersables en  
 agua, por ejemplo, en forma de polvos, gránulos, granza o comprimidos. Tales composiciones se conocen  
 frecuentemente como formulaciones en seco, aunque el término "seco" no debe entenderse en este contexto que  
 implique la ausencia completa de agua. Normalmente, las formulaciones en seco contienen menos de  
 aproximadamente el 5 % en peso de agua, por ejemplo de aproximadamente el 0,5 % a aproximadamente el 2 % en  
 peso de agua. Tales formulaciones están destinadas para la disolución o dispersión en agua en el momento del uso.

55 Las formulaciones de glifosato en seco contempladas pueden contener de aproximadamente el 5 % a  
 aproximadamente el 80 % en peso de glifosato, expresado como equivalente de ácido (porcentaje de e.a.). Se  
 prefieren mayores concentraciones de glifosato dentro del intervalo anterior, por ejemplo de aproximadamente el  
 50 % a aproximadamente el 80 % e.a. Las sales de glifosato especialmente útiles para fabricar formulaciones en  
 seco son las sales de sodio y de amonio.

Las composiciones para el tratamiento de plantas y las composiciones de concentrado líquido y seco de la presente invención pueden contener opcionalmente uno o más principios de excipientes deseados. Los principios excipientes especialmente útiles para las composiciones de glifosato son tensioactivos, que ayudan a retener las soluciones de pulverización acuosas en las superficies relativamente hidrófobas de las hojas de las plantas, así como ayudar al glifosato a penetrar en la capa externa cerosa (cutícula) de la hoja y por lo tanto ponerse en contacto con los tejidos vivos dentro de la hoja. Los tensioactivos también pueden realizar otras funciones útiles.

No existe limitación en cuanto al tipo o clase química de tensioactivo que puede usarse en las composiciones de glifosato de la presente invención. En situaciones particulares, son del todo útiles los tipos no iónicos, aniónicos, catiónicos y anfotéricos, o combinaciones de más de uno de estos tipos. Sin embargo, generalmente se prefiere que al menos uno de los tensioactivos presente, si hubiese alguno, deba ser distinto de aniónico, es decir, al menos uno de los tensioactivos debe ser no iónico, catiónico o anfotérico.

Muchos tensioactivos útiles en el presente documento tienen una estructura química que comprende uno o más restos consistiendo cada uno en una sola unidad de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub> o una cadena polimerizada o copolimerizada de unidades de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub>. Tales tensioactivos se denominan tensioactivos de polioxialquileo e incluyen tipos anfotéricos no iónicos, aniónicos y catiónicos. Los tensioactivos de polioxialquileo útiles en las composiciones contempladas en la presente invención contienen de aproximadamente 2 a aproximadamente 100 unidades de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub>. En los tensioactivos de polioxialquileo preferidos las unidades de óxido de alquileo forman una o más cadenas de óxido de etileno o de óxido de etileno y de óxido de propileno copolimerizado, teniendo cada cadena de óxido de alquileo unidades que tienen un grupo hidrido terminal o una terminación con protección alquilo C<sub>1-4</sub> o alcanilo C<sub>1-4</sub>.

Los restos hidrófobos de los tensioactivos útiles en las composiciones de la presente invención pueden basarse esencialmente en hidrocarbano, en cuyo caso los restos hidrófobos son normalmente cadenas de alquilo, alquenoilo, alquilarilo, alcanilo o alquenoilo C<sub>8-24</sub>, preferentemente C<sub>12-18</sub>. Estas cadenas pueden ser lineales o ramificadas. Como alternativa, los restos hidrófobos pueden contener átomos de silicio, por ejemplo en forma de grupos siloxano tales como grupos heptametiltrisiloxano, o átomos de flúor, por ejemplo, como cadenas de alquilo o perfluoroalquilo parcialmente fluoradas.

Entre los tensioactivos no iónicos, las clases especialmente preferidas incluyen éteres de polioxietileno de alquilo, alquenoilo o alquilarilo, tales como alcoholes primarios o secundarios etoxilados o alquilfenoles, ésteres de polioxietileno de alquilo o alquenoilo, tales como ácidos grasos etoxilados, ésteres de polioxietileno sorbitán alquilo sorbitan, ésteres de gliceril alquilo, ésteres de sacarosa, alquil poliglucósidos y similares. Los ejemplos específicos representativos de tales tensioactivos no iónicos incluyen polioxietilén (9) nonilfenol, Neodol<sup>TM</sup> 25-7 de Shell (un alcohol primario lineal C<sub>12-15</sub> de polioxietileno (7)), Tergitol<sup>TM</sup> 15-S-9 de Union Carbide (un alcohol secundario C<sub>12-15</sub> de polioxietileno (9)), Tween<sup>TM</sup> 20 de ICI (un monolaurato de polioxietileno de sorbitan (20)) y Agrimul<sup>TM</sup> PG-2069 de Henkel (un alquil poliglucósido C<sub>9-11</sub>).

Entre los tensioactivos catiónicos, las clases especialmente preferidas incluyen alquilaminas o alquenilaminas terciarias de polioxietileno, tales como aminas grasas etoxiladas, tensioactivos de amonio cuaternario, alquileteraminas de polioxietileno, y similares. Los ejemplos específicos representativos de tales tensioactivos catiónicos incluyen polioxietilén (5) cocoamina, polioxietilén (15) seboamina, cloruro de diestearildimetilamonio, bromuro de cetiltrimetilamonio, cloruro de metil bis (2-hidroxietil)cocoamonio, cloruro de N-dodecilpiridina y cloruro de polioxipropilén (8) etoxitrimetilamonio. Las polioxietilén alquileteraminas particularmente preferidas son las descritas en la Publicación PCT N<sup>o</sup> WO 96/32839. En la técnica se conocen muchos tensioactivos de amonio cuaternario catiónicos de diversas estructuras que son útiles en combinación con glifosato y que pueden usarse en las composiciones contempladas en el presente documento; tales tensioactivos de amonio cuaternario tienen la fórmula



en la que A es un anión adecuado tal como cloro, bromo, yodo, acetato, sulfato o fosfato, m y n son números enteros de tal manera que las cargas eléctricas positivas sobre los cationes (NR<sup>a</sup>R<sup>b</sup>R<sup>c</sup>R<sup>d</sup>) equilibran las cargas eléctricas negativas sobre los aniones A, y las opciones para R<sup>a</sup>, R<sup>b</sup>, R<sup>c</sup> y R<sup>d</sup> incluyen, sin limitación:

- (i) R<sup>a</sup> es bencilo o alquilo o alquenoilo C<sub>8-24</sub>, preferentemente C<sub>12-18</sub> y R<sup>b</sup>, R<sup>c</sup> y R<sup>d</sup> son independientemente alquilo C<sub>1-4</sub>, preferentemente metilo;
- (ii) R<sup>a</sup> y R<sup>b</sup> son independientemente alquilo o alquenoilo C<sub>8-24</sub>, preferentemente C<sub>12-18</sub>, y R<sup>c</sup> y R<sup>d</sup> son independientemente alquilo C<sub>1-4</sub>, preferentemente metilo;
- (iii) R<sup>a</sup> es alquilo o alquenoilo C<sub>8-24</sub>, preferentemente C<sub>12-18</sub>, R<sup>b</sup> es una cadena de polioxialquileo que tiene aproximadamente de 2 a aproximadamente 100 unidades de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub>, preferentemente unidades de óxido de etileno, y R<sup>c</sup> y R<sup>d</sup> son independientemente alquilo C<sub>1-4</sub>, preferentemente metilo;
- (iv) R<sup>a</sup> es alquilo o alquenoilo C<sub>8-24</sub>, preferentemente C<sub>12-18</sub>, R<sup>b</sup> y R<sup>c</sup> son cadenas de polioxialquileo que tiene en total de aproximadamente 2 a aproximadamente 100 unidades de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub>, preferentemente unidades de óxido de etileno, y R<sup>d</sup> es alquilo C<sub>1-4</sub>, preferentemente metilo; o
- (v) R<sup>a</sup> es una cadena de polioxialquileo que tiene de aproximadamente de 2 a aproximadamente 100 unidades

de óxido de alquileo C<sub>2-4</sub>, en la que predominan las unidades de óxido de alquileo C<sub>3-4</sub>, preferentemente unidades de óxido de propileno y R<sup>b</sup>, R<sup>c</sup> y R<sup>d</sup> son independientemente alquilo C<sub>1-4</sub>, preferentemente metilo o etilo. Los tensioactivos de amonio cuaternario de este tipo particularmente preferidos son los desvelados en la Patente de Estados Unidos N° 5.464.807 de Claude y col.

5 En una realización, el anión A asociado con dicho tensioactivo de amonio cuaternario puede ser un anión de glifosato.

Entre los tensioactivos anfotéricos, incluyendo como es habitual en la técnica los tensioactivos más debidamente descritos como zwitteriónicos, clases especialmente preferidas incluye óxidos de polioxietilén alquilamina, alquilbetainas, aminoácidos sustituidos con alquilo y similares. Los ejemplos representativos de tales tensioactivos anfotéricos incluyen óxido de dodecildimetilamina, óxido de polioxietilén (2) cocoamina y estearildimetilbetaína.

Las fuentes de referencia convencionales a partir de las cuales un experto en la materia puede seleccionar tensioactivos adecuados, sin limitación con respecto a las clases mencionadas anteriormente, incluyen los documentos Handbook of Industrial Surfactants, Segunda Edición (1997) publicado por Gower, McCutcheon's Emulsifiers and Detergents, North American and International Editions (1997) publicado por MC Publishing Company, e International Cosmetic Ingredient Dictionary, Sexta Edición (1995) Volúmenes 1 y 2, publicado por the Cosmetic, Toiletry and Fragrance Association.

Otros componentes opcionales de las composiciones de la presente invención incluyen agentes para modificar características de color, viscosidad, de gelificación, punto de congelación, higroscopía, comportamiento de apelmazamiento, velocidad de disolución, dispersibilidad u otras características de la formulación.

20 Ejemplos de formulaciones de glifosato comerciales incluyen, sin limitación, las comercializadas por Monsanto Company como herbicidas ROUNDUP®, ROUNDUP® ULTRA, ROUNDUP® CT, ROUNDUP® EXTRA, ROUNDUP® BIACTIVE, ROUNDUP® BIOFORCE, RODEO®, POLARIS®, SPARK® y ACCORD®, todas ellas conteniendo glifosato como su sal de isopropilamonio; las comercializadas por Monsanto Company como herbicidas ROUNDUP® DRY y RIVAL®, que contienen glifosato como su sal de amonio; las comercializadas por Monsanto Company como ROUNDUP® GEOFORCE, que contienen glifosato como su sal de sodio y la que comercializa Zeneca Limited como herbicida TOUCHDOWN®, que contiene glifosato como su sal trimetilsulfonio.

La selección de las tasas de aplicación para una formulación de glifosato que sea biológicamente eficaz se encuentra dentro de la competencia de la técnica agrícola habitual. Un experto en la materia probablemente reconocerá qué condiciones individuales de la planta, condiciones climatológicas y condiciones de cultivo pueden influir en los resultados conseguidos en la realización práctica del procedimiento de la presente invención. Durante dos décadas del uso de glifosato y estudios publicados relacionados con dicho uso han proporcionado información abundante a partir de la cual un buen profesional del control de maleza puede seleccionar las tasas de aplicación de glifosato que sean eficaces desde el punto de vista herbicida sobre especies particulares en fases de crecimiento particulares en condiciones de entorno particulares.

35 Un procedimiento de la presente invención puede aplicarse a cualquiera y a todas las especies vegetales en las que el glifosato es biológicamente eficaz como un herbicida o como un regulador del crecimiento de las plantas. Esto incluye una variedad muy amplia de especies vegetales en todo el mundo. Del mismo modo, las composiciones de la invención pueden aplicarse a cualquiera y a todas las especies vegetales en las que el glifosato es biológicamente eficaz.

40 En una realización, a la planta que comprende las construcciones de ADN de la presente invención se le aplica un herbicida que contiene glifosato y las plantas se evalúan para determinar la tolerancia al herbicida de glifosato. Para someter a ensayo las plantas que comprenden las construcciones de ADN de la presente invención puede usarse cualquier formulación de glifosato. Por ejemplo, puede usarse una composición de glifosato tal como Roundup Ultra™. Los parámetros de ensayo para realizar una evaluación de la planta de la tolerancia a glifosato variarán dependiendo de diversos factores. Los factores incluirían, pero sin limitación, el tipo de formulación de glifosato, la concentración y la cantidad de glifosato usada en la formulación, el tipo de planta, la fase de desarrollo de la planta durante el tiempo de la aplicación, las condiciones ambientales, el procedimiento de aplicación y del número de veces en los que se aplica una formulación particular. Por ejemplo, las plantas pueden someterse a ensayo en un entorno de invernadero usando un procedimiento de aplicación mediante pulverizador. El intervalo de ensayo usando Roundup Ultra™ puede incluir, pero sin limitación, de 0,56 a 17,93 kg/ha. El intervalo comercialmente eficaz preferido puede ser de 1,12 a 4,48 kg/Ha de Roundup Ultra™, dependiendo del cultivo y de la fase del desarrollo de la planta. Un cultivo puede pulverizarse al menos con una aplicación de una formulación de glifosato. Para ensayar en algodón, una aplicación de 2,24 kg/ha en la fase de 3 hojas puede continuarse por aplicaciones adicionales en las últimas fases en el desarrollo. Para el trigo puede usarse una aplicación de 2,24 kg/Ha de Roundup Ultra™ en la fase de 3-5 hojas y puede continuarse con una aplicación previa o posterior a la cosecha, dependiendo del tipo de trigo que vaya a ensayarse. Los parámetros de ensayo pueden optimizarse para cada cultivo con objeto de encontrar la planta particular que comprenda las construcciones de la presente invención que confiera el nivel de tolerancia a glifosato eficaz deseado desde el punto de vista comercial.

Los siguientes ejemplos se incluyen para demostrar realizaciones preferidas de la invención. Los expertos en la materia deben apreciar que las técnicas desveladas en los ejemplos que siguen representan técnicas que los inventores descubrieron que actúan bien en la práctica de la invención. Sin embargo, los expertos en la materia deben, a la luz de la presente divulgación, apreciar que pueden hacerse muchos cambios en las realizaciones específicas que se desvelan y aún obtener un resultado semejante o similar, sin separarse del espíritu y el ámbito de la invención, por lo tanto, toda la materia expuesta o mostrada en los dibujos adjuntos debe interpretarse como ilustrativa y no en sentido limitativo.

## EJEMPLOS

### Ejemplo 1

Las construcciones de plásmidos usadas son construcciones de clonación de pUC o construcciones de transformación de plantas de doble límite que contiene un origen de replicación de *E. coli* tal como *ori322*, un origen de replicación de amplio intervalo de hospedador tal como *oriV* o *oriRi*, y una región codificante para un marcador de selección tal como Spc/Str que codifica el aminoglucósido adeniltransferasa (*aadA*) de Tn7 que confiere resistencia a espectinomomicina o a estreptomomicina, o un marcador de selección de gentamicina (Gm, Gent). Para la transformación en plantas, la cepa bacteriana hospedadora fue *Agrobacterium tumefaciens* ABI o LBA4404.

Los elementos genéticos se describen de la siguiente manera: P-e35S es el ARN 35S del VMCa que contiene una duplicación de la región -90-300 como se describe en la Patente de Estados Unidos Nº 5.424.200 ; P-FMV es el promotor 34S del Virus del Mosaico de la Higuera, como se describe en la Patente de Estados Unidos Nº 5.378.619; P-eFMV es un derivado del promotor del FMV que contiene una región potenciadora duplicada del promotor del FMV; CTP2 es la región del péptido de tránsito de la EPSP sintasa de *Arabidopsis*, como se describe en la Patente de Estados Unidos Nº 5.633.435; *aroA:CP4syn* (*aroA:CP4*) es la región codificante de EPSP (secuencia sintética) de CP4, como se describe en la Patente de Estados Unidos Nº 5.633.435 o además modificada para la expresión en plantas a base del uso de codones de especies de plantas particulares; E9 3' es el extremo 3' de un aislado del gen RbcS del guisante que actúa como una señal de poliadenilación; *nos* es el extremo 3' del gen de nopalina sintasa que actúa como una señal de poliadenilación; Hsp70 es la secuencia líder no traducida de *Petunia hybrida* como se describe en la Patente de Estados Unidos Nº 5.362.865; GUS es la secuencia codificante de la beta-glucuronidasa de *E. coli* (Jefferson, R. A. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., 83:8447-8451, 1987); el borde derecho (BD) y el borde izquierdo (BI) son del plásmido Ti de las cepas de octopina y nopalina de *Agrobacterium tumefaciens*. El P-AtAct2 es el promotor del gen de actina 2 de *Arabidopsis thaliana*; AtAct2i es el intrón en la región 5' no traducida (UTR, acrónimo de *untranslated region*) del gen de actina 2 de *Arabidopsis thaliana*; P-AtAct8 es el promotor del gen de actina 8 de *Arabidopsis thaliana*; AtAct2i es el intrón en la UTR 5' del gen de actina 8 de *Arabidopsis thaliana*; P-AtAct11 es el promotor del gen actina 11 de *Arabidopsis thaliana*; AtAct11i es el intrón en la UTR 5' del gen de actina 11 de *Arabidopsis thaliana*; P-AtAct1a es el promotor del gen de actina1a de *Arabidopsis thaliana*, L-AtAct1a es la secuencia líder no traducida e I-AtAct1a es el intrón del ADN genómico del gen de actina 1a; P-AtAct1b es el promotor del gen de actina 1b de *Arabidopsis thaliana*, L-AtAct1b es la secuencia líder no traducida e I-AtAct1b es el intrón del ADN genómico del gen de actina 1b; P-AtAct3 es el promotor del gen de actina 3 de *Arabidopsis thaliana*, L-AtAct3 es la secuencia líder no traducida e I-AtAct3 es el intrón del ADN genómico del gen de actina 3; P-AtAct7 es el promotor del gen de actina 7 de *Arabidopsis thaliana*, L-AtAct7 es la secuencia líder no traducida e I-AtAct7 es el intrón del ADN genómico del gen de actina 7; P-AtAct12 es el promotor del gen de actina 12 de *Arabidopsis thaliana*, L-AtAct12 es la secuencia líder no traducida e I-AtAct12 es el intrón del ADN genómico del gen de actina 12; P-AtEF1 $\alpha$  (P-AtEF1 o EF1 $\alpha$ ) es el promotor del gen del factor de elongación 1 $\alpha$  de *Arabidopsis thaliana*, AtEF1 $\alpha$ -i (AtEF1-i) es el intrón de la UTR 5' del gen del factor de elongación 1 $\alpha$  de *Arabidopsis thaliana*.

Las Figuras 1-18 proporcionan ejemplos de construcciones de transformación en plantas que contienen de uno a tres casetes de expresión de plantas. Los expertos en la técnica de la biología molecular vegetal pueden construir combinaciones múltiples de casetes de expresión en plantas que comprendan el promotor y los elementos genéticos de la presente invención y pueden realizar ensayos en plantas de cultivo sin demasiada experimentación. Las construcciones ilustradas en las figuras no deben considerarse como las únicas construcciones que pueden ensamblarse, si no que únicamente sirven como ejemplos para los expertos en la técnica. La Figura 1 (pCGN8086) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct8) unido operativamente a un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 2 (pMON45325) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden al menos un promotor de la presente invención (P-AtAct-11) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 3 (pMON45331) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtEF1 más intrón) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 4 (pMON45332) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden al menos un promotor de la presente invención (P-AtEF1 más intrón) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 5 (pMON9190) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene tres casetes de expresión en el que al menos dos promotores de la presente invención (P-AtEF1 más intrón, AtEF1 $\alpha$ -i; PAtAct2 más intrón, AtAct2i) están unidos operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*) y el promotor P-eFMV está unido operativamente a CTP2-*aroA:CP4syn*. Los casetes de expresión en

plantas de la Figura 6 (pMON9153) son idénticos a los ilustrados en la Figura 4 (pMON45332), este mapa de plásmido se ilustra con el fin de identificar los casetes de expresión para los datos mostrados sobre los fenotipos de plantas en las tablas de datos mostradas en la memoria descriptiva. La Figura 7 (pCGN8099) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden promotores híbridos de la presente invención, P-eFMV-AtEF1 $\alpha$  y P-e35S-AtAct8, que conducen la transcripción del gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 8 (pCGN8088) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden un promotor de la presente invención, P-AtAct8 más intrón, AtAct8i, y el promotor P-eFMV que conduce la expresión de un gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 9 (pCGN8068) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden un promotor de la presente invención, P-AtAct2 más intrón, AtAct2i, y el promotor PeFMV que conduce la expresión de un gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 10 (pCGN8096) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden promotores híbridos de la presente invención, P-eFMV/-AtAct11 y P-e35S-AtAct2, que conducen la transcripción del gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 11 (pCGN9151) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene dos casetes de expresión que comprenden promotores híbridos de la presente invención, P-eFMV-AtEF1 $\alpha$  y P-e35S-AtAct2, que conducen la transcripción del gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 12 (pMON10156) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende el promotor P-eFMV que conduce la expresión del gen de interés *aroA:CP4syn*, este vector se usa con fines comparativos con las secuencias promotoras de la presente invención. La Figura 13 (pMON52059) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor híbrido (P-eFMV-AtEF1 $\alpha$ ) que conduce la expresión del gen de interés (*aroA:CP4syn*). La Figura 14 (pMON54952) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct1a más intrón AtAct1a) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 15 (pMON54953) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct1b más intrón AtAct1b) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 16 (pMON54954) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct3 más intrón AtAct3) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 17 (pMON54955) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct7 más intrón AtAct7) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*). La Figura 18 (pMON54956) proporciona un ejemplo de una construcción de transformación en plantas que contiene un casete de expresión que comprende un promotor de la presente invención (P-AtAct12 más intrón AtAct12) unido operativamente a al menos un gen de interés (CTP2-*aroA:CP4syn*).

### Ejemplo 2

Las construcciones de clonación y las construcciones GUS se enumeran en la Tabla 1. El promotor y el intrón de actina 2 de *Arabidopsis* (número de referencia de Genbank U41998 como se describe en An y col., Plant J. 10: 107-121, 1996) se aislaron usando, como molde, ADN de *Arabidopsis thaliana* Landsberg *erecta* (Rogers and Bendich, Plant Mol. Biol. 5: 69, 1998) usando la SEQ ID NO 1 (cebador directo) y la SEQ ID NO 2 (cebador inverso) en una reacción de la siguiente manera: 0,5  $\mu$ g de ADN molde, 25 pmol de cada cebador, taq polimerasa (BMB, Indianapolis, IN) usando perlas de cera para PCR "de inicio en caliente" (*hot start*). Las condiciones del termociclador de la PCR fueron las siguientes: 94 °C durante un minuto; 30 ciclos de: 92 °C durante 40 segundos, 55 °C durante un minuto, 72 °C durante un minuto y 30 segundos; y una prolongación de cinco minutos a 72 °C. La reacción PCR se purificó usando GeneClean II (Bio101 Inc., Vista, CA), la digestión se realizó con HindIII y NcoI y se ligó en la construcción pMON26149 (Tabla 1) se realizó la digestión con HindIII y NcoI. Se verificó la secuencia del clon promotor y la construcción resultante se denominó pMON26170 (Tabla 1).

**Tabla 1. Construcciones de clonación y construcciones GUS que contienen las secuencias promotoras de Actina y de EF1 de *Arabidopsis***

Construcción	Descripción	Promotor*/Gen/3'
pMON26149	construcción de clonación	
pMON26170	construcción de expresión en plantas	Act2/GUS/nos
pMON26171	construcción de expresión en plantas	Act8/GUS/nos
pMON8677	construcción de clonación	
pMON48407	construcción de expresión en plantas	Act11/GUS/nos
pMON26152	construcción de clonación	
pMON26177	construcción de expresión en plantas	EF1/GUS/nos
pMON11750	construcción de expresión en plantas	e35S/GUS/nos
pMON15737	construcción de expresión en plantas	VMH/GUS/nos

\* las secuencias promotoras de actina y del factor de elongación también contienen la secuencia intrón de la UTR 5' del gen correspondiente.

**Ejemplo 3**

5 El promotor y el intrón de actina 8 de *Arabidopsis* (número de referencia de Genbank U42007 como se describe en An y col., Plant. J. 10:107-121, 1996) se aislaron usando, como molde, ADN de *Arabidopsis thaliana* Landsberg *erecta* en condiciones PCR y procedimientos de purificación descritos en el Ejemplo 2 usando los cebadores de la SEQ ID NO: 3 (cebador directo) y SEQ ID NO: 4 (cebador inverso). El promotor se clonó usando las enzimas de restricción descritas en el Ejemplo 2, se verificaron las secuencias, y la construcción resultante se denominó pMON26171 (Tabla 1).

**Ejemplo 4**

10 El promotor e el intrón de actina 11 de *Arabidopsis* (número de referencia de Genbank U27981 como se describe en Huang y col., Plant Mol Biol., 33:125-139, 1997) se aislaron usando, como molde, ADN de *Arabidopsis thaliana* Landsberg *erecta* a condiciones PCR y procedimientos de purificación descritos en el Ejemplo 2 usando los cebadores de la SEQ ID NO: 5 (cebador directo) y SEQ ID NO: 6 (cebador inverso). El promotor se clonó usando enzimas de restricción EcoRV y NcoI y se ligaron en pMON8677 (Tabla 1), se verificaron las secuencias y la construcción resultante se denominó pMON48407 (Tabla 1).

**Ejemplo 5**

15 El promotor y el intrón del factor de elongación 1 $\alpha$  de *Arabidopsis* (AtEF1 $\alpha$ ) (número de referencia de Genbank X 16430 como se describe en Axelos y col., Mol. Gen. Genet. 219:106-112, 1989; Curie y col., NAR 19:1305-1310; Curie y col., Plant. Mol. Biol. 18:1083-1089, 1992; Curie y col., Mol. Gen. Genet. 238:428-436, 1993) se aislaron usando, como molde, ADN de *Arabidopsis thaliana* Landsberg *erecta* en condiciones PCR y procedimientos de purificación descritos en el Ejemplo 2 usando los cebadores de la SEQ ID NO: 7 (cebador directo) y SEQ ID NO: 8 (cebador inverso). El promotor se clonó usando enzimas de restricción HindIII y NcoI y se ligó en pMON26152 (Tabla 1) como se describe en el Ejemplo 2, se verificaron las secuencias, y la construcción resultante se denominó pMON26177 (Tabla 1).

**Ejemplo 6**

25 Las construcciones de transformación en plantas descritas se acoplaron en *Agrobacterium*. La transformación del algodón se realizó esencialmente como se describe en el documento WO/0036911. La transformación de *Arabidopsis* se realizó como se describe en Ye y col., Plant. Journal 19:249-257, 1999. La transformación del tomate se realizó como se describe en la Patente de Estados Unidos N° 5.565.347.

**Ejemplo 7**

30 Una construcción de ADN se transformó en un cultivo diana de interés mediante un sistema de administración apropiado tal como un procedimiento de transformación mediado por *Agrobacterium* (véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos N° 5.569.834, Patente de Estados Unidos N° 5.416.011, Patente de Estados Unidos N° 5.631.152, Patente de Estados Unidos N° 5.159.135, Patente de Estados Unidos N° 5.004.863 y la Solicitud Provisional de Estados Unidos N° 60/111795). Como alternativa, puede usarse un procedimiento de bombardeo con partículas (véanse, por ejemplo, las Solicitudes de Patente WO 92/15675, WO 97/48814 y la Solicitud de Patente Europea 586,355 y las Patentes de Estados Unidos N° 5.120.657, 5.503.998, 5.830.728 y 5.015.580).

35 Una gran cantidad de sistemas de transformación y regeneración y procedimientos se encuentra disponible y son bien conocidos por los expertos en la materia. Las plantas y la progenie, transformadas de manera estable, se analizan posteriormente para determinar la expresión de los genes en tejidos de interés mediante diversos procedimientos de evaluación molecular, inmunodiagnóstico, bioquímicos y/o de campo, conocidos por los expertos en la materia, que incluyen, pero sin limitación, un ensayo de pulverización con una formulación de glifosato a concentraciones eficaces desde el punto de vista comercial, realizado en una cámara de cultivo o en un entorno de campo.

**Ejemplo 8**

45 Los ensayos GUS se realizaron por procedimientos rutinarios conocidos por los expertos en las materia (véase por ejemplo, Jefferson y col., EMBO J. 6:3901, 1987). Para el algodón, se sometieron a ensayo plantas R0. El tejido se seleccionó por tamaño en diversas fases del desarrollo, se tomaron muestras y se agruparon para los análisis. El brote floral del algodón se recogió y se extrajeron muestras de tejido reproductor masculino (anteras y filamentos), muestras de tejido reproductor femenino (todo el estigma, estilo y ovario) y corola (sépalos y pétalos). Para la selección por tamaño, se seleccionaron tres brotes florales de cada fase que incluyeron diversos tamaños incluyendo pequeño (menos de 0,5 cm), mediano (de 0,5-0,7 cm) y grande (fase vela o flor abierta). Las muestras foliares se recogieron aproximadamente después de 1-2 semanas de colocar las plantas de algodón en el invernadero y las otras muestras se recogieron aproximadamente de 1-2 meses más tarde. Las primeras flores no se recogieron (las cinco primeras posiciones de fructificación se dejaron intactas).

55

Para *Arabidopsis*, se analizaron plantas V1 y sólo se sometieron a ensayo segregantes homocigotos y heterocigotos. Se analizaron de ocho a diez sucesos por construcción (cinco plantas por suceso). Los resultados GUS para *Arabidopsis* representan muestras agrupadas de 8-10 sucesos. Los valores en las tablas descritas (Tabla 2 y Tabla 3) representan la expresión GUS promedio para el tejido indicado (pmol/MU/min/mg).

5 **Ejemplo 9**

Las plantas se analizaron para la detectar la expresión GUS en tejido foliar y en tejidos reproductores incluyendo brotes florales inmaduros y flores. Los resultados se muestran en la Tabla 2. Las construcciones sometidas a ensayo incluyeron pMON48407 (P-AtAct11 + intrón/GUS/nos), pMON26170 (P-AtAct2 + intrón/GUS/nos), pMON26171 (P-AtAct8 + intrón/GUS/nos), pMON11750 (e35S/GUS/nos), pMON26177 (P-EF1α + intrón/GUS/nos), y pMON15737 (P-FMV/GUS/nos). Los promotores de actina y del factor de elongación confirieron altos niveles de expresión GUS en tejidos múltiples incluyendo tejidos reproductores.

**Tabla 2. Expresión GUS promedio en V1 de *Arabidopsis***

Construcción	Hoja	Brote floral inmaduro	Flor	Gineceo	Androceo
pMON48407	6944	7394	8359	ND	ND
pMON26170	45238	74099	54502	73623	217292
pMON26171	29343	35884	37125	76311	207100
pMON11750	60844	14032	16263	35882	115049
pMON26177	47598	72871	96420	191066	507370
pMON15737	28314	57903	84457	44696	87876

**Ejemplo 10**

Las plantas de algodón R0 se sometieron a ensayo para determinar la expresión del gen indicador de GUS en tejidos seleccionados de diversas fases de desarrollo. Los brotes florales se clasificaron por tamaño (pequeño, mediano y grande; grande = flor en vela y abierta). El androceo representa los tejidos reproductores masculinos incluyendo todo el receptáculo (estigma, estilo y ovarios). La muestra de corola estaba compuesta de sépalos y pétalos. El tejido se preparó y los ensayos GUS se realizaron como se describe en el EJEMPLO 8. Los resultados se resumen en la Tabla 3. Las construcciones sometidas a ensayo incluyeron pMON48407 (P-EF1α + intrón/gus/nos), pMON26170 (P-AtAct2 + intrón/gus/nos) y pMON48407 (P-AtAct11 + intrón/gus/nos).

Se sometieron a ensayo seis plantas y se obtuvieron valores GUS promedio para pMON26177. Se sometieron a ensayo veinte plantas y se obtuvieron valores GUS promedio para pMON26170. Se sometieron a ensayo ocho plantas y se obtuvieron valores GUS promedio para pMON48407. Los resultados demuestran que los promotores de actina y del factor de elongación pueden usarse para la expresión eficaz de genes unidos operativamente, particularmente en tejidos reproductores.

**TABLA 3. Resultados de Ensayo GUS para Plantas de Algodón**

Construcción	Promotor/intrón	Tejido sometido a ensayo	Resultados GUS
pMON26177	EF1α	Hoja	11600
pMON26177	EF1α	Corola pequeña	396
pMON26177	EF1α	Gineceo pequeño	8670
pMON26177	EF1α	Androceo pequeño	13771
pMON26177	EF1α	Corola mediana	362
pMON26177	EF1α	Gineceo mediano	3318
pMON26177	EF1α	Androceo mediano	8006
pMON26177	EF1α	Corola grande	351
pMON26177	EF1α	Gineceo grande	500
pMON26177	EF1α	Androceo grande	15512

# ES 2 624 689 T3

(continuación)

Construcción	Promotor/intrón	Tejido sometido a ensayo	Resultados GUS
pMON26170	Act2	Hoja	12718
pMON26170	Act2	Corola pequeña	1296
pMON26170	Act2	Gineceo pequeño	16684
pMON26170	Act2	Androceo pequeño	7570
pMON26170	Act2	Corola mediana	742
pMON26170	Act2	Gineceo mediano	10041
pMON26170	Act2	Androceo mediano	7893
pMON26170	Act2	Corola grande	289
pMON26170	Act2	Gineceo grande	3218
pMON26170	Act2	Androceo grande	42737
pMON48407	Act11	Hoja	28289
pMON48407	Act11	Corola pequeña	10
pMON48407	Act11	Gineceo pequeño	40755
pMON48407	Act11	Androceo pequeño	47834
pMON48407	Act11	Corola mediana	742
pMON48407	Act11	Gineceo mediano	52495
pMON48407	Act11	Androceo mediano	35573
pMON48407	Act11	Corola grande	1072
pMON48407	Act11	Gineceo grande	4869
pMON48407	Act11	Androceo grande	42737

## Ejemplo 11

5 Las plantas transformadas también se sometieron a ensayo en un ensayo de pulverización en invernadero usando Roundup Ultra™, una formulación de glifosato, con un dispositivo pulverizador Track (Roundup Ultra es una marca registrada de Monsanto Company). Las plantas estaban en la fase de crecimiento de “dos” o más hojas verdaderas y las hojas se secaron antes de aplicar la pulverización de Roundup ®. La formulación usada fue Roundup Ultra™ como una formulación de 359,52 gramos/litro e.a. (equivalente de ácido). El calibre usado fue el siguiente:

Para un volumen de pulverización de 187 litros/hectárea:

10 Velocidad de la boquilla: 9501 flujo uniforme  
 Presión de pulverización: 275,79 kPa  
 Altura de la pulverización: 45,72 cm entre la parte superior del dosel y la punta de la boquilla  
 Velocidad de rastreo: 335 mm/sec., correspondiente a una lectura de 1950-1,0 voltios  
 Formulación: Roundup Ultra™ (359,52 gramos e.a./litro)

15 Las concentraciones de pulverización variarán, dependiendo de los intervalos de ensayo deseados. Por ejemplo, para una tasa deseada de 0,56 kg/Ha se usa una solución de trabajo de 3,1 ml/l y para una tasa deseada de 4,48 kg/Ha se usa una solución de trabajo de 24,8 ml/l.

El período de evaluación variará dependiendo del cultivo, de la fase del desarrollo de la planta y del nivel de tolerancia deseado.

## Ejemplo 12

20 Las construcciones de expresión en plantas usadas para la transformación del tomate se indican en la Tabla 4. Se exploraron plantas de tomate (TO) que contenían construcciones que comprendían al menos un promotor de actina

o del factor de elongación (con intrón), unido operativamente a un gen de tolerancia a glifosato, *aroA:CP4* en un ensayo de pulverización con glifosato en un invernadero con una formulación de glifosato (Roundup Ultra™) para determinar la eficacia de conferir tolerancia a glifosato a plantas de tomate transgénicas. Opcionalmente, al menos una secuencia promotora de actina o del factor de elongación unido operativamente a un gen *aroA:CP4* y un promotor de colimovirus eFMV unido operativamente a un *aroA:CP4* transformado en plantas de tomate se exploraron mediante aplicación por pulverización con glifosato (Roundup Ultra™). Las plantas de tomate se pulverizaron con 3,36 kg/Ha, después se evaluaron a las dos semanas tras la aplicación para análisis de tolerancia vegetativa y hasta 60 días después de la aplicación para análisis de tolerancia reproductora. Los resultados se muestran en la Tabla 4 y se clasifican de acuerdo con la eficacia de selección de líneas tolerantes reproductoras. El porcentaje de tolerancia vegetativa es el porcentaje de las líneas exploradas que demuestran tolerancia vegetativa suficiente a lesión por glifosato para considerarse para estudios posteriores de rasgos agronómicos en la preparación de candidaturas desde el punto de vista comercial. El porcentaje de tolerancia reproductora es el porcentaje de las líneas tolerantes vegetativas que también demuestran tolerancia reproductora suficiente para considerarse para una evaluación agronómica posterior. Todas las construcciones demostraron funcionalidad para proporcionar tolerancia vegetativa y reproductora a las plantas de tomate transgénicas. Diversas combinaciones de promotores son capaces de aumentar, la eficacia a la cual las líneas tolerantes vegetativas y reproductoras deben seleccionarse por exploración en este experimento. Las construcciones que contienen el promotor EF1 $\alpha$  de *Arabidopsis* se asocian más específicamente con un elevado porcentaje de líneas tolerantes desde el punto de vista vegetativo. El promotor P-Act2 en combinación con P-eFMV y P-AtEF1 $\alpha$  (pCGN9190), explorados por este procedimiento, proporcionaron un aumento en el porcentaje de líneas tolerantes desde el punto de vista reproductor.

**Tabla 4. Ensayos de Pulverización Track en Invernadero con una Tasa de Aplicación de 3,36 kg/Ha \***

Construcción	Descripción	Nº de líneas sometidas a ensayo	% de tolerancia vegetativa <sup>1</sup>	% de tol. reproduct. <sup>2</sup>
pCGN9190	eFMV/CP4 + EF1 $\alpha$ /CP4 + Act2/CP4	930	83,2	52,4
pCGN9153	EF1 $\alpha$ /CP4 + eFMV/CP4	391	73,9	38,9
pCGN8086	Act8/CP4	21	47,6	38,1
pCGN8099	EF1 $\alpha$ /CP4 + Act8/CP4	71	84,5	36,6
pCGN8088	eFMV/CP4 + Act8/CP4	144	79,9	34,7
pMON45325	eFMV/CP4 + Act11/CP4	90	70,0	34,4
pCGN8096	Act11/CP4 + Act2/CP4	201	62,7	10,4
pCGN8067	Act2/CP4	205	67,3	8,8

\* una aplicación

<sup>1</sup> resultados agrupados de 25 exploraciones. Puntuado 14 días después de la aplicación

<sup>2</sup> resultados agrupados de 25 exploraciones. Puntuado hasta 60 días después de la aplicación

La producción de semillas de tomate se usa como una medición de la eficacia de las diversas secuencias promotoras y combinación de casetes de expresión en la presente invención para conferir tolerancia a glifosato a las plantas de tomate transgénicas. En la Tabla 5, se muestran los resultados de tres experimentos de campo en plantas de tomate transgénicas que contienen construcciones con los promotores de la presente invención que conducen la expresión de la secuencia codificante *aroA:CP4* para la tolerancia a glifosato. El experimento 1 es un ensayo de las plantas producidas a partir de las construcciones que contienen el promotor del virus del mosaico de la higuera (P-FMV) en la versión natural y potenciada duplicada (P-eFMV) y elementos genéticos adicionales en las construcciones que también se encuentran en las construcciones usadas para someter a ensayo las secuencias promotoras de la presente invención. También se sometieron a ensayo otros elementos genéticos, tales como la fuente de la secuencia 5' no traducida y el péptido tránsito de cloroplastos. La construcción pMON20998 comprende el P-eFMV, unido a la UTR 5' Hsp70 de petunia, secuencia líder unida al péptido de tránsito de cloroplasto (CTP2), de EPESPS de *Arabidopsis*, unido a la región de terminación 3' E9. La construcción pMON20999 solo difiere de pMON20998 porque el promotor es P-FMV. La construcción pMON10156 solo difiere de pMON20998 porque el CTP es el péptido tránsito de cloroplasto de EPESPS de *Petunia* (CTP4). La construcción pMON45312 solo difiere de pMON20998 porque la secuencia líder es la secuencia líder natural del FMV.

Las plantas de tomate se transplantaron en el campo en surcos. Las plantas se trataron con pulverizador en el campo a una tasa de 3,36 kg/Ha con el herbicida Roundup. La semilla de tomate se recogió del fruto y se pesó. Una línea de tomate no pulverizada sirvió como control con fines comparativos y la eficacia de cada construcción se expresó como un porcentaje del control. El resultado del experimento 1 (columna 1 de la Tabla 5) es que el promotor del FMV y el P-eFMV sólo proporciona del 5-11 % de la producción de semillas de un control sin pulverizar. El experimento 2 y 3 ensayan las construcciones de la presente invención a diferentes localizaciones (columnas 2 y 3 de la Tabla 5). El experimento 2 se realizó en la misma localización que el experimento 1, las construcciones pCGN8099 (Figura 7), pCGN9151 (Figura 11) y pCGN9190 (Figura 5) se realizaron bien proporcionando 25-46 % de la semilla con respecto a un control no pulverizado. En una localización diferente que tenía una estación de cultivo más fría, el experimento 3 demostró que pCGN8068 (Figura 9), pCGN8088 (Figura 8), pCGN8099, pCGN9151, pCGN9153 (Figura 6) y pMON45325 (Figura 2) eran capaces de conferir suficiente tolerancia a glifosato para los tomates hasta ajustar el 34-77 % de semillas normales de ajuste con respecto a un control no tratado.

**Tabla 5. Experimentos de producción de semillas de tomate**

	Exp. 1 Peso en gramos de la semilla	% de control	Exp. 2 Peso en gramos de la semilla	% de control	Exp. 3 Peso en gramos de la semilla	% de control
pMON20998	0,52	5,3				
pMON20999	0,84	8,6				
pMON10156	0,50	5,1				
pMON45312	1,07	11,0				
pCGN8068			0,48	8,4	7,06	77,8
pCGN8088			0,43	7,6	3,09	34,1
pCGN8096			0,40	7,0		
pCGN8099			1,85	32,5	6,93	76,4
pCGN9151			1,46	25,7	6,11	67,4
pCGN9153			0,68	12,0	4,03	44,4
pCGN9190			2,64	46,4		
pMON45325			0,31	5,4	3,37	37,2
pCGN8067						
Control	9,73	100,0	5,69	100,0	9,07	100,0

**Ejemplo 13**

Las SEQ ID NO: 1-8 y las SEQ ID NO: 13-21 son cebadores de PCR diseñados a partir de la información de secuencia disponible públicamente para genes *de Arabidopsis thaliana* Act1, Act2 (Genbank N° U41998), Act3, Act7, Act8 (Genbank N° ATU42007), Act11 (Genbank N° ATU27981), Act12 y Elf1α (Genbank N° X 16430). Estas secuencias se usan para prolongar la secuencia de ácido nucleico usando técnicas de amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (véase por ejemplo, Mullis y col, Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. 51:263, 1986; Erlich, y col., Solicitud de Patente Europea; 50,424; Solicitud de Patente Europea 84,796, Solicitud de Patente Europea 258,017, Solicitud de Patente Europea 237,362; Mullis, Solicitud de Patente Europea 201,184; Mullis, y col, Patente de Estados Unidos N° 4.683.202; Erlich, Patente de Estados Unidos N° 4.582.788; y Saiki, y col, Patente de Estados Unidos N° 4.683.194). Los expertos en la técnica conocen diversos procedimientos de amplificación por PCR y se usan para identificar secuencias de ácido nucleico adyacentes a una secuencia conocida. Por ejemplo, se han descrito procedimientos de PCR inversa (IPCR), que se usan para amplificar secuencias de ADN desconocidas adyacentes a una región núcleo de secuencias conocidas. Otros procedimientos también se encuentran disponibles tales como PCR de captura (Lagerstrom M., y col., PCR Methods Applic. 1:111, 1991) y PCR andante (Parker y col., Nucleic Acids Res 19:3055, 1991). Diversos fabricantes también han desarrollado kits basados en modificaciones de estos procedimientos con objeto de identificar secuencias de interés. Los adelantos técnicos que incluyen mejoras en el diseño de cebador y adaptador, mejoras en la enzima polimerasa y capacidades de termociclador han facilitado procedimientos más rápidos y eficaces para aislar secuencias de interés.

**Tabla 5. Secuencias de cebadores para el aislamiento de secuencias promotoras de actina y EF1α de *Arabidopsis***

At. Actina 2 directo: TTTTTTTTGATATCAAGCTTCAACTATTTTTATGTATGCATAAT TC  
 At. Actina 2 inverso: GCCTCAGCCATGGTGAGTCTGCTGCAAACACACAAAAGA GTTCAAT  
 At. Actina 8 directo: TTTTTTTTGATATCAAGCTTCCATTTTTCT TTTGCATAAT TC  
 At. Actina 8 inverso: GCATCGGCCATGGTGAGTCTTCTGCAATCAAAAACATAAA GATCTGA  
 At. Actina 11 directo: TTTTTTTTAAAGCTTGATATCACAAACAAATGTCAAATGG  
 At. Actina 11 inverso: CCATCTGCCATGGTCTATATCCTGTC  
 At. EF1α directo: TTTTTTTTAAAGCTTGATATCGGAAGTTTCTCTCTTG

(continuación)

At. EF1 $\alpha$  inverso: CTTTTCCCATGGTAGATCTCTGGTCAACAA ATC  
 At. Actina 1a directo: CCCAAGCTTAAATGACATCAGATACACGC  
 At. Actina 1b directo: CATAAGCTTAGAGGTCCAAATTCA  
 At. Actina 1 inverso: CCATCAGCCATGGTCTTCTACCTTTATGCAAA  
 At. Actina 3 directo: CCAAGCTTACCACACTCAGATGCATAAACAAACACA  
 At. Actina 3 inverso: CATCAGCCATGGTCTACTCTCTGCAAAAACA  
 At. Actina 7 directo: GCAAAGCTTACTAGTCAACAATTGGCC  
 At. Actina 7 inverso: GATCGGCCATGGTTCATAAAAAAAG  
 At. Actina 12 directo: GGAAGCTTGCGGCCGCTTTCTACTCTACATGTTTCT

Se homogeneizaron hojas de plantas jóvenes de *Arabidopsis thaliana* (1 g) en 9 ml de tampón CTAB (Saghai Maroof y col. 1984, PNAS 81:8014-8018). El tampón CTAB contenía TrisHCl 100 mM, pH 7,8, NaCl 700 mM, EDTA 50 mM, CTAB (bromuro de alquiltrimetilamonio) al 1 % y 2-mercaptoetanol 140 mM. Después de 90 minutos de incubación a 65 °C, se añadieron 4,5 ml de cloroformo: alcohol isoamílico (24:1) y las muestras se mezclaron durante 10 minutos. La capa acuosa se separó por centrifugación durante 10 minutos a 1500 g y se volvió a extraer con cloroformo: alcohol isoamílico. Después de una segunda centrifugación, la capa acuosa se transfirió a un tubo contenía 50 ml de ARNasa 10 mg/ml (sin ADNasa) y se incubó a temperatura ambiente durante 30 minutos para retirar el ARN. El ADN se precipitó con 6 ml de isopropanol y se volvió a suspender en 1 ml de tampón TrisHCl 10 mM, pH 8,5. La solución de ADN se extrajo una vez con un volumen igual de fenol y una vez con un volumen igual de cloroformo: alcohol isoamílico. Después de la centrifugación, se añadió un volumen de 1/10 de acetato de sodio (3 M, pH 5,2) a la capa acuosa, seguido por un volumen de 2,5 de etanol. El ADN se ensartó, se lavó en etanol al 70 % y después se secó al aire y se volvió a suspender en 0,2 ml de tampón TrisHCl 10 mM.

El ADN genómico de *Arabidopsis* (100 ng) se usó en reacciones PCR de 50  $\mu$ l. Las reacciones contenían los cebadores mostrados en la Tabla 5 que contenían soluciones de cebador inverso y directo de 0,2 mM, los dNTP 200 nM y tampón de PCR con mezcla de magnesio y ADN polimerasa del sistema PCR Expand™ High Fidelity (Roche Molecular Biochemicals). Después de 2 minutos de desnaturalización iniciales a 94 °C las reacciones se ciclaron 35 veces durante 0,5 minutos a 94 °C, 0,5 minutos a 55 °C y 1,5 minutos a 72 °C. Los productos de la PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 1 %. Los fragmentos de ADN aislados en gel, que representaban secuencias de actina 1a, actina 1b, actina 7 y actina 12, se fosforilaron con ADN quinasa de T4 y se ligaron a una construcción de clonación pUC19 de corte Sma I y desfosforilada. Las colonias blancas se exploraron para detectar la presencia de insertos apropiados y se secuenciaron con M13 para confirmar la presencia de promotores de actina. Los clones seleccionados se denominaron pMON54941 (P-AtAct1a), pMON54942 (P-AtAct1b), pMON54943 (P-AtAct7) y pMON54944 (P-AtAct12). Posteriormente, los fragmentos de ADN promotores de actina se liberaron por digestión con Hind III y Nco I de las construcciones pUC19 que contenían las secuencias inserto, los fragmentos de ADN se aislaron en gel y se ligaron a pMON26165 que se había digerido con las mismas enzimas de restricción. Un producto PCR para el promotor de actina 3 (P-AtAct3) se digirió con Hind III y Nco I y se clonó directamente en pMON26165 para formar pMON54951. pMON26165 contenía el segmento del gen terminador GUS/nos. El ligamiento con los segmentos promotores permite ensayar cada promotor para detectar la actividad funcional por la expresión de la enzima  $\beta$ -glucuronidasa en células vegetales. Las células vegetales pueden aislarse, por ejemplo, protoplastos foliares de tabaco o las células vegetales pueden incluirse en un tejido u órgano vegetal, tal como, hoja, raíz, cotiledón, hipocotiledón, embrión, flor u órgano de almacenamiento.

El nivel de expresión de GUS conducido por esos promotores se sometió a ensayo en hipocotiledones de soja en comparación con GUS conducido por el promotor P-e35S (Tabla 6). Después se bombardeó con partículas de oro/ADN de plásmido a hipocotiledones de soja tras 48 horas se sometió a ensayo la actividad GUS histoquímicamente. Todos los promotores actina sometidos a ensayo en este análisis mostraron actividad funcional en el tejido hipocotiledón demostrando su utilidad para la expresión de transgenes en especies de plantas de cultivo heterólogas. Las construcciones que contenían EPSPS de *aroA:CP4* conducidas por los promotores de *Arabidopsis* actina 1a, (pMON54952), actina 1b (pMON54953), actina 3 (pMON54954), actina 7 (pMON54955) y actina 12 (pMON54956) de la presente invención se prepararon en construcciones de transformación de plantas binarias de *Agrobacterium* para determinar la expresión estable del EPSPS resistente a glifosato en plantas de cultivo. Estas construcciones se transformaron en células de soja y de algodón, las células se seleccionaron y se regeneraron en plantas sobre glifosato que contenía medio de cultivo tisular y después se sometieron a ensayo para determinar la expresión de la proteína *aroA:CP4* y para determinar la tolerancia a la aplicación de glifosato. Las plantas que demostraron tolerancia a glifosato comercialmente aceptables se desarrollaron posteriormente por procedimientos de cultivo convencionales para transferir el rasgo de tolerancia a glifosato en el plasma germinal adaptado para el cultivo.

**Tabla 6. Actividad de diferentes promotores de actina de *Arabidopsis* en un ensayo transitorio en comparación con P-e35S.**

Construcción	Actividad GUS
Pe35S/GUS	+++
P-AtAct1a/GUS	++
P-AtAct1b/GUS	++
P-AtAct3/GUS	++
P-AtAct7/GUS	++
P-AtAct12/GUS	+

**Ejemplo 14**

5 La producción de algodón se correlaciona con el número de cuadrados establecidos durante las cuatro a cinco primeras semanas de la cuadratura. La conservación de estos cuadrados a bolas maduras y su contribución para la cosecha del hilo de algodón es un componente clave de la producción. Cuando se determina la eficacia de construcciones transgénicas para conferir tolerancia a herbicida en algodón, la cantidad de conservación de bolas es una medición de eficacia y es un rasgo deseable. Las plantas de algodón transgénicas que contienen promotores de la presente invención (Tabla 7) se sometieron a ensayo en condiciones de invernadero para la conservación de 10 bolas. Los promotores dirigen la expresión de la secuencia codificante *aroA:CP4* para el fenotipo tolerante a glifosato. Las plantas se transformaron mediante un procedimiento mediado por *Agrobacterium* o mediante un procedimiento de bombardeo con partículas. Las construcciones de bombardeo de partículas contenían un GUS adicional que contenía un casete de expresión útil para localización histoquímica de la actividad de la β-glucuronidasa a partir de los promotores de la presente invención. Las plantas transgénicas se degeneraron en 15 medio que contenía glifosato y las plantas se enraizaron en un medio de enraizamiento. Las plántulas enraizadas se sembraron en el suelo y se transfirieron a una cámara de cultivo durante un período de endurecimiento. Las semillas de estas líneas de planta se recogieron y se plantaron. Quince plantas de cada línea se pulverizaron con glifosato a 3,36 kg/Ha en la fase de 4 hojas. Al menos 8 plantas supervivientes de cada línea se pulverizaron de nuevo en la fase de 8 hojas con glifosato a 3,36 kg/Ha. Al llegar a la madurez, se contó el número de bolas de la primera 20 posición para las cinco primeras bolas. Estas líneas que tenían 3 o más de las primeras posiciones de bolas conservadas después de la pulverización con glifosato (mapa de planta ≥ 3) se hicieron progresar para estudio posterior. La Tabla 7 ilustra los datos producidos a partir de este estudio. El número de líneas mapeadas indica el número de líneas que sobrevive a la primera aplicación con pulverización de glifosato. El patrón comercial es la línea 1445(pMON17136) que contiene el promotor P-FMV que dirige la expresión del gen CTP2-*uaroA:CP4/E9 3'*, esta 25 línea conserva menos de 1 de las 5 primeras bolas. Las construcciones, pCGN8099, pCGN9153, pCGN8088, pCGN8068 proporcionan suficiente tolerancia a glifosato reproductora en el algodón de tal manera que el 14-35 % de las líneas sometidas a ensayo de estas construcciones se hicieron progresar para ensayos agronómicos posteriores.

**Tabla 7. Estudio de conservación de bolas de algodón en invernadero**

Construcción	Promotores	Nº de líneas mapeadas	Mapa de planta ≥3 mapeo	%≥ 3
pCGN8099	eFMV:EF1a + e35S:Act8	104	36	34,6 %
pCGN9153	EF1α + FMV	36	12	33,3 %
pCGN9165	EF1α + 35S/GUS	3	1	33,3 %
pCGN9152	EF1a	7	0	0,0 %
pCGN8088	Act8 + FMV	43	6	14,0 %
pCGN8086	Act8	7	0	0,0 %
pCGN8068	Act2 + FMV	37	7	18,9 %
pCGN8067	Act2	37	0	0,0 %
pCGN8084	Act2 + FMV + 35S/GUS	5	0	0,0 %
pCGN8085	Act2 + FMV/GUS	1	0	0,0 %
pCGN9164	Act11 + 35S/GUS	21	1	4,8 %
pMON45325	Act11 + FMV	43	0	0,0 %
pCGN8096	eFMV:Act11 + e35S:Act2	14	0	0,0 %
pCGN9154	eFMV:Act11 + e35S:Act2	16	1	6,3 %
Línea 1445	FMV		<1,0	

**Ejemplo 15**

30 La producción de algodón se correlaciona con el número de cuadrados establecidos durante las primeras cuatro a cinco semanas de la cuadratura. La conservación de estos cuadrados a bolas maduras y su contribución para la cosecha de hilo de algodón es un componente de producción clave. Cuando se determina la eficacia de construcciones transgénicas para conferir tolerancia herbicida en algodón, la cantidad de conservación de bolas es 35 una medida de eficacia y es un rasgo deseable. Las plantas de algodón transgénicas que contienen promotores de

la presente invención se sometieron a ensayo en condiciones de campo en dos localizaciones para la conservación de bolas. Las líneas de algodón transgénicas 502-254-2 (pCGN8068), 701-178-2 (pCGN8068), 53-2 (pCGN8088), 178-1 (pCGN9153) y 60-1 (pCGN9153) se compararon con 1445 (línea de tolerancia a glifosato) y se incluyó PM1218BR (parental Paymaster 1218) que contenía la construcción pMON17136 (P-FMV/CTP2-aroA:CP4/E93'), una línea no transgénica de tipo silvestre, Coker 130. El diseño de campo es un diseño en bloque completo al azar que consiste en 2 hileras x 20-30 pies x 3 repeticiones. El glifosato se aplica como una formulación de Roundup Ultra™ a tasas de producto de 1,38 kg ai/Ha = 1360,8 kg y producto 1,845 kg ai/Ha = 1814,4 kg en la fase de 8 hojas del desarrollo de la planta de algodón. Todas las parcelas de algodón se trataron de manera agresiva para el control de maleza y control de insectos, así como otras entradas agronómicas tales como tiempo de siembra, fertilización, irrigación, uso PGR y desfoliación. La conservación de bola en porcentaje se determinó mapeando la localización de cada una de las bolas conservadas por selección al azar de diez plantas desde el centro de las dos hileras centrales (cinco de cada hilera) de cada parcela a mapear. El primer mapeo debe realizarse 4 semanas antes de la primera flor (mapa de media estación), un segundo mapeo debe realizarse en la cosecha. Los datos recogidos incluyen el número de bolas de la primera posición sobre los cinco nodos de floración inferiores que se cuentan como una indicación de la tolerancia reproductora de las líneas de algodón transgénicas a glifosato. La Tabla 8 ilustra la ventaja de que los promotores de la presente invención han conferido a las plantas de algodón transgénicas para la conservación de bolas. Esta tolerancia reproductora potenciada tiene como resultado una producción de hilo aumentada (Tabla 9) y también una producción de semilla aumentada (Tabla 10).

**Tabla 8. Conservación de bola en un mapa de planta de estación media de bolas inferiores de las 5 primeras posiciones**

	Localización 1			Localización 2		
	Sin tratar	3,36 kg/Ha	4,48 kg/Ha	Sin tratar	3,36 kg/Ha	4,48 kg/Ha
(17136)1445	68	67	53	81	63	62
(8068) 502-254-2	87	72	64	77	80	69
(8068) 701-178-2	85	77	60	84	86	76
(8088)53-2	89	81	80	79	76	73
(9153) 178-1	77	83	73	85	71	79
(9153) 60-1	80	89	81	77	82	87
PM1218BR	92	56	63			

**Tabla 9. Producción de hilo (kilogramos/hectárea) y porcentaje de producción (Localización 1)**

Variedad de cultivo	Sin tratar	3,36 kg/Ha	3,36 kg/Ha %	4,48 kg/Ha	4,48 kg/Ha %
8068-502-254-2-4	1235,36	1075,2	87,0 %	960,96	77,8 %
8068-701-178-2-2	1485,12	1365,28	91,9 %	1318,24	88,8 %
9153-60-1-1	1318,24	1350,72	102,5 %	1311,52	99,5 %
9153-178-1-1	1245,44	861,28	69,2 %	840	67,4 %
8088-53-2-11	1436,96	1199,52	83,5 %	1228,64	85,5 %
1445	1140,16	630,56	55,3 %	548,8	48,1 %
C130	1344	0	0,0 %	0	0,0 %
PM 1218 BR	1223,04	925,12	75,6 %	798,56	65,3 %

**Tabla 10. Producción de semillas de algodón (kilogramos/hectárea) y producción en porcentaje (Localización 1)**

Variedad de cultivo	Sin tratar	3,36 kg/Ha	3,36 kg/Ha %	4,48 kg/Ha	4,48 kg/Ha %
8068-502-254-2-4	3759,84	3273,76	87,1 %	2963,52	78,8 %
8068-701-178-2-2	4166,4	3943,52	94,7 %	3727,36	89,5 %
9153-60-1-1	3689,28	3822,56	103,6 %	3314,88	100,7 %
9153-178-1-1	3884,16	2637,6	67,9 %	2484,16	64,0 %
8088-53-2-11	3812,48	3304	86,7 %	3324,16	87,2 %
1445	3175,2	1818,88	57,3 %	1536,64	48,4 %
C130	3664,64	0	0,0 %	0	0,0 %
PM 1218 B/RR	3400,32	2455,04	72,2 %	2111,2	62,1 %

### Ejemplo 16

La eficacia del promotor híbrido P-eFMV-AtEF1 $\alpha$  que conduce la expresión de la secuencia codificante CTP2-aroA:CP4 (Figura 13, pMON52059) y P-FMV/CTP2-aroA:CP4/E93' (pMON15737) se comparó en *Arabidopsis thaliana* transgénica. Las plantas de *Arabidopsis thaliana* transgénica se produjeron por infiltración al vacío (Bechtold

y col., C R Acad Paris Life Sci 316: 1194-1199) las semillas se sembraron en suelo en bandejas en una cámara de cultivo ajustada a 24 °C, un ciclo de 16 horas de luz (120  $\mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ) para permitir el crecimiento normal y el desarrollo de las plantas. Se seleccionaron plantas de *Arabidopsis* transgénicas tolerantes a glifosato suceso V1 pMON52059 por aplicación de pulverización del herbicida glifosato a una tasa de 1,68 kg/Ha, las plantas supervivientes se trasplantaron en macetas individuales. Ocho plantas pMON52059 V1 y ocho plantas homocigotas pMON15737 se pulverizaron una segunda vez correspondiente a la observación de la germinación antes de tiempo, aproximadamente 16 días después de una tasa de 1,68 kg/Ha. La segunda pulverización determinará la eficacia de las dos construcciones para conferir tolerancia reproductora. Las plantas se observaron para detectar efectos vegetativos de la aplicación de glifosato. Todas las plantas tuvieron tolerancia vegetativa completa y no se observaron flores anómalas. Sin embargo, el aborto de silicuas producido indicó que la semilla no se había establecido en las silicuas abortadas. La cantidad total de silicuas producidas por cada planta y las silicuas que contenían semillas (silicuas fértiles) se contaron y se clasificaron. Los resultados se muestran en la Tabla 9 e indican que la construcción promotora híbrida pMON52059 demostró una mejora mayor de 10 veces en silicuas fértiles, 89 % en comparación con pMON15737 al 8 %. La cantidad de estructuras fructíferas fértiles se relaciona con la cantidad de semillas que pueden producirse, esto es especialmente importante en cultivos cuyo rendimiento está asociado con el número de semillas. Los cultivos tales como algodón, soja, canola, trigo y maíz son cultivos en los que la tolerancia reproductora a glifosato es esencial para la buena producción.

**Tabla 11. Comparación del promotor híbrido P-eFMV-EF1 $\alpha$  (pMON52059) y P-FMV (pMON15737) en conferir tolerancia reproductora a glifosato en plantas de *Arabidopsis*.**

pMON52059				pMON15737			
Número de Planta	Silicuas Fértiles	Silicuas Totales	Porcentaje de Fertilidad	Número de Planta	Silicuas Fértiles	Silicuas Totales	Porcentaje de Fertilidad
8819	39	50	78,0 %	1	74	540	13,7 %
8820	626	691	90,6 %	2	23	600	3,8 %
8821	507	561	90,4 %	3	1	470	0,2 %
8822	0	69	0,0 %	4	20	646	3,1 %
8823	512	534	95,9 %	5	43	717	6,0 %
8827	326	354	92,1 %	6	22	651	3,4 %
8833	432	461	93,7 %	7	178	868	20,5 %
8838	323	374	86,4 %	8	40	520	7,7 %
<b>Total</b>	<b>2765</b>	<b>3094</b>	<b>89,4 %</b>	<b>Total</b>	<b>401</b>	<b>5012</b>	<b>8,0 %</b>

## 20 Ejemplo 17

El girasol (*Helianthus annuus L.*) es un cultivo de importancia agronómica para el aceite y como alimento. Las construcciones pMON45325 (Figura 2), pMON45332 (Figura 4) y pMON45331 (Figura 3) de la presente invención se transformaron en girasol. La transformación mediada por *Agrobacterium* del girasol se ha indicado (Schrammeijer y col., Plant Cell Reports, 9: 55-60, 1990; documento EP 0 486 234). Los procedimientos conocidos por los expertos en la materia de la transformación de plantas con construcciones de expresión transgénica pueden incluir hipocotiledones, meristemos apicales, protoplasma y otros tejidos del girasol. Las líneas de girasol transgénicas SFB250-27 contienen el casete de expresión de pMON20999 (P-FMV/CTP2-*aroA*:CP4/E93'); SFB288-01, SFB295-09 contiene pMON45325 (eP-FMV/CTP2-*aroA*:CP4/E93':P-AtAct11 + intrón/CTP2-*aroA*:CP4/E93'); SFB289-01 contiene pMON45332 (P-AtEF1 $\alpha$  + intrón/CTP2-*aroA*:CP4/E93':P-eFMV/CTP2-*aroA*:CP4/E93'); SFB303-08, SFB303-09, SFB303-11 y HA300B contiene pMON45331 (P-AtEF1 $\alpha$  + intrón/CTP2-*aroA*:CP4/E9). Estas líneas se sometieron a ensayo para determinar la tolerancia a glifosato y se muestra en la Tabla 12.

La tolerancia reproductora a glifosato en girasol puede medirse como una función del porcentaje de cabezas normales, porcentaje de tamaño de cabeza normal y producción de polen. Estas plantas se pulverizan con glifosato a en las etapas de hoja V-4 y V-8 a una tasa de 2,14 kg/Ha o 4,48 kg/Ha. Las plantas de girasol se evalúan para determinar la tolerancia vegetativa a glifosato. La tolerancia vegetativa se consigue a 2,24 y 4,48 kg/Ha niveles de pulverización de glifosato tanto en las etapas V4 como V8 del desarrollo de la planta.

Las líneas de girasol transgénicas tolerantes a glifosato vegetativo se clasifican para el número de cabezas porcentaje de cabezas normal, porcentaje de tamaño de cabeza normal y porcentaje de liberación de polen normal. Estos rasgos se puntúan en un ensayo de campo en una localización. La tabulación de las puntuaciones de cabeza y producción de polen se muestran en la Tabla 12. Las líneas seleccionadas de las construcciones de la presente invención muestran un mayor porcentaje de cabezas normales, generalmente un porcentaje mayor de lo normal de tamaño de cabeza y una mejor liberación de polen.

**Tabla 12. Puntuaciones de resistencia a glifosato en girasol**

Nº de línea	Nº de cabezas	% de cabezas normal	% de tamaño de cabeza normal	% de liberación de polen
SFB250-27	28	29	75	36
SFB288-01	11	36	73	73
SFB295-09	28	57	64	68
SFB289-01	13	38	92	38
SFB303-08	25	68	92	64
SFB303-09	43	81	88	88
SFB305-11	45	71	84	100
HA300B	30	100	97	97
segregante no transgénico	0	0	0	0

**Ejemplo 18**

5 Los elementos reguladores de actuación en *cis* necesarios para una regulación del promotor correcta pueden identificarse mediante diversos medios. En un procedimiento, se realiza análisis de delección para eliminar regiones del promotor y los fragmentos de promotor resultantes se ensayan para detectar la actividad promotora. Los fragmentos de ADN se consideran necesarios para la regulación del promotor si la actividad del promotor truncado se modifica en comparación con el fragmento promotor original. Aunque este análisis de delección, puede identificar pequeñas regiones de ADN que serán necesarias para la regulación positiva o negativa de la transcripción. Los motivos de secuencia promotora también pueden identificarse y pueden modificarse por ingeniería genética nuevos promotores para contener estos elementos *cis* para modular la expresión de secuencias que pueden transcribirse unidas operativamente. Véase por ejemplo la Patente de Estados Unidos Nº 5.223.419, la Patente de Estados Unidos Nº 4.990.607 y la Patente de Estados Unidos Nº 5.097.025.

15 Una estrategia alternativa es buscar secuencias similares entre promotores con similares perfiles de expresión. Los promotores con modelos de actividad solapantes pueden tener mecanismos reguladores comunes. Pueden usarse diversos programas informáticos para identificar, conservar e identificar motivos entre promotores incluyendo pero sin limitación MEME, SIGNAL SCAN o GENE SCAN. Estos motivos pueden representar sitios de unión para factores de la transcripción que actúan para regular los promotores. Una vez identificados los motivos de secuencia, su función puede someterse a ensayo. Por ejemplo, las secuencias motivo pueden deleccionarse del promotor para determinar si el motivo es necesario para una función de promotor correcta. Como alternativa, el motivo puede añadirse a un promotor mínimo para ensayar si es suficiente para activar la transcripción. Los elementos reguladores negativos que se sospecha pueden someterse a ensayo para detectar la suficiencia añadiendo un promotor activo y ensayar para una reducción en la actividad del promotor. Algunos elementos reguladores de actuación en *cis* pueden requerir otros elementos para funcionar. Por lo tanto, pueden someterse a ensayo elementos múltiples en diversas combinaciones mediante cualquiera de los procedimientos conocidos por los expertos en la materia.

Una vez identificados los elementos promotores funcionales, los elementos promotores pueden modificarse a nivel de nucleótido para influir en la unión de la proteína. Las modificaciones pueden producir afinidades de unión más elevadas o más bajas que podrían influir en el nivel de la transcripción de este promotor.

30 Los elementos promotores pueden actuar de manera aditiva o sinérgica para influir en actividad promotora. En ese aspecto, los elementos promotores de diferentes regiones reguladoras 5' pueden colocarse en tándem para obtener un promotor con un espectro diferente de actividad o diferentes perfiles de expresión. Por consiguiente, combinaciones de elementos promotores de fuentes heterólogas o duplicación de elementos similares o el mismo elemento puede conferir un mayor nivel de expresión de secuencias que pueden transcribirse unidas operativamente. Por ejemplo, un elemento promotor puede multimerizarse para aumentar los niveles de expresión específicamente en el modelo afectado por el elemento promotor.

40 Los procedimientos técnicos necesarios para la construcción de construcciones de expresión que contienen los nuevos elementos reguladores 5' modificados genéticamente los conocen los expertos en la materia. Los promotores modificados por ingeniería genética se someten a ensayo en construcciones de expresión y se ensayan transitoriamente mediante unión operativa de los nuevos promotores con respecto a un gen indicador adecuado tal como GUS y se someten a ensayo en un ensayo de planta transitoria. Los nuevos promotores se unen operativamente a uno o más genes de interés y se incorporan en una construcción de transformación de plantas junto con uno o más elementos reguladores adicionales y se transforman en una planta diana de interés mediante un sistema de administración de ADN adecuado. Las plantas transformadas de manera estable y posterior progenie se evalúan mediante cualquier medio molecular de inmunodiagnóstico, bioquímico, fenotípico o de campo adecuado para evaluar la característica (características) deseada.

- 5 Una construcción de ADN que comprende: un casete de expresión que comprende una secuencia de ADN promotora que comprende al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en la SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; una secuencia de ADN estructural que codifica una proteína útil desde el punto de vista agronómico; y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural.
- 10 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN estructural codifica un gen de tolerancia a herbicidas.
- Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a herbicidas es un gen de tolerancia a glifosato.
- Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen de la EPSP sintasa o un gen de la glifosato oxidoreductasa.
- 15 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen *aroA:CP4*.
- Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 50 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.
- 20 Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 300 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.
- Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a al menos una aplicación de glifosato a una tasa de 1,12 kg por hectárea.
- 25 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN estructural es un gen de control de insectos *Bacillus thuringiensis*.
- Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN promotora consiste esencialmente en una región 5' reguladora obtenida de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25 y SEQ ID NO:26.
- 30 Una secuencia de ADN promotora quimérica que comprende al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11 y SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; y dicho al menos un elemento en *cis* está unido operativamente a una secuencia promotora heteróloga.
- 35 Una secuencia de ADN promotora quimérica como se define anteriormente, en la que la secuencia promotora heteróloga es un promotor de virus de ADN de planta.
- Una secuencia de ADN promotora quimérica como se define anteriormente, en la que el promotor de virus de ADN de planta se selecciona del grupo que consiste en virus del mosaico de la coliflor y el virus del mosaico de la escrofularia.
- 40 Una secuencia de ADN promotora quimérica como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN promotora quimérica se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30.
- Una construcción de ADN que comprende: un casete de expresión que comprende una secuencia de ADN promotora quimérica que comprende al menos un elemento en *cis* obtenida de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; y dicho al menos un elemento en *cis* está unido operativamente a una secuencia promotora heteróloga; una secuencia de ADN estructural; y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural.
- 45
- 50 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN estructural codifica un gen de tolerancia a herbicidas.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a herbicidas es un gen de tolerancia a glifosato.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen de la EPSP sintasa o un gen de la glifosato oxidoreductasa.

- 5 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen *aroA:CP4*.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 50 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.

- 10 Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 300 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a al menos una aplicación de glifosato a una tasa de 1,12 kg por hectárea.

- 15 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN estructural es un gen de control de insectos.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de control de insectos se obtiene de *Bacillus thuringiensis*.

- 20 Una construcción de ADN que comprende una secuencia de ADN promotora quimérica seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30; una secuencia de ADN estructural; y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor quimérico y la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora quimérica es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural.

- 25 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que la secuencia de ADN estructural codifica un gen de tolerancia a herbicidas.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a herbicidas es un gen de tolerancia a glifosato.

- 30 Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen de la EPSP sintasa o un gen de la glifosato oxidoreductasa.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen *aroA:CP4*.

- 35 Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 50 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.

Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 300 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.

- 40 Una construcción de ADN como se define anteriormente, que, cuando se introduce en una célula vegetal, confiere a la célula vegetal tolerancia a al menos una aplicación de la formulación de glifosato a una tasa de 1,12 kg por hectárea.

Una planta de cultivo transgénica que comprende la construcción de ADN como se define anteriormente.

Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo monocotiledónea.

- 45 Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo dicotiledónea. Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que el gen de tolerancia a herbicidas es un gen de tolerancia a glifosato.

Una planta de cultivo transgénica que comprende la construcción de ADN como se define anteriormente.

- 50 Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo monocotiledónea.

Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo dicotiledónea. Una planta de cultivo transgénica que comprende la construcción de ADN como se define anteriormente.

5 Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo monocotiledónea.

Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo dicotiledónea. Una planta de cultivo transgénica que comprende la construcción de ADN como se define anteriormente.

10 Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo monocotiledónea.

Una planta de cultivo transgénica como se define anteriormente, en la que dicha planta de cultivo es una especie de cultivo dicotiledónea. Una construcción de ADN que comprende un primer casete de expresión y un segundo casete de expresión, en la que dicho primer casete de expresión comprende una secuencia de ADN promotora que comprende al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; una secuencia de ADN estructural que codifica una proteína útil desde el punto de vista agronómico; y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y a la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural; y dicho segundo casete de expresión comprende una secuencia de ADN promotora que comprende al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; una secuencia de ADN estructural que codifica una proteína útil desde el punto de vista agronómico; y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y a la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora es heteróloga con respecto a la secuencia de ADN estructural.

Un procedimiento de expresión de una secuencia de ADN estructural en una planta, comprendiendo el procedimiento:

30 (1) proporcionar una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11, y SEQ ID NO:12; , SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; una secuencia de ADN estructural que codifica una proteína útil desde el punto de vista agronómico; y una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y el promotor es heterólogo con respecto a la secuencia de ADN estructural; (2) introducir la construcción de ADN en una célula vegetal; y (3) regenerar la célula vegetal para producir la planta de forma que la secuencia de ADN estructural pueda expresarse en la planta.

40 Un procedimiento de expresión de una secuencia de ADN estructural en una planta, comprendiendo el procedimiento:

45 (1) proporcionar una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30; una secuencia de ADN estructural; una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen estructural está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y el promotor es heterólogo con respecto a la secuencia de ADN estructural; (2) introducir la construcción de ADN en una célula vegetal; y (3) regenerar la célula vegetal para producir la planta de forma que la secuencia de ADN estructural pueda expresarse en la planta.

50 Un procedimiento de control de malas hierbas, comprendiendo el procedimiento: (1) proporcionar una planta de cultivo transformada con una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor al menos un elemento en *cis* obtenido de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:10, SEQ ID NO:11 y SEQ ID NO:12; SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26; un gen de tolerancia a glifosato; y una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen de tolerancia a glifosato está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida; y el promotor es heterólogo con respecto al gen de tolerancia a glifosato; y (2) aplicar a la planta de cultivo una cantidad suficiente de glifosato como para controlar malas hierbas sin dañar a la planta de cultivo.

5 Un procedimiento de control de malas hierbas, comprendiendo el procedimiento: (1) proporcionar una planta de cultivo transformada con una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 y SEQ ID NO:30; un gen de tolerancia a glifosato; y una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que el gen de tolerancia a glifosato está unido operativamente al promotor y la región 3' no traducida; y el promotor es heterólogo con respecto al gen de tolerancia a glifosato; y (2) aplicar a la planta de cultivo una cantidad suficiente de glifosato como para controlar malas hierbas sin dañar a la planta de cultivo.

LISTADO DE SECUENCIAS

10 <110> Fincher, Karen L. Flasinski, Stanislaw Wilkinson, Jack Q.

<120> Nuevas construcciones de expresión en plantas

<130> P 97222

15 <140> US 60/171.173  
<141> 16-12-1999

<160> 30

20 <170> PatentIn versión 3.0

<210> 1  
<211> 39

25 <212> ADN  
<213> Artificial

<220>  
<223> Oligonucleótido sintético

30 <400> 1  
tttttttga tatcaagctt caactatctt tatgtatgc 39

<210> 2  
<211> 47  
<212> ADN  
<213> Artificial

40 <220>  
<223> Oligonucleótido sintético

<400> 2  
gcctcagcca tggtagtct gctgcaaca cacaaaaaga gtccaat 47

45 <210> 3  
<211> 42  
<212> ADN  
<213> Artificial

50 <220>  
<223> Oligonucleótido sintético

<400> 3  
tttttttga tatcaagctt ccattttct ttgcataat tc 42

55 <210> 4

<211> 47  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

5 <220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 4  
 gcatcggcca tggtagtct tctgcaatca aaaacataaa gatctga 47

10 <210> 5  
 <211> 40  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

15 <220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 5  
 20 ttttttita agcttgat cacaaccaa tgcaaatgg 40

<210> 6  
 <211> 26  
 <212> ADN  
 25 <213> Artificial

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

30 <400> 6  
 ccatctgcca tggctatat cctgtc 26

<210> 7  
 <211> 37  
 35 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

40 <400> 7  
 ttttttita agcttgat cggaagttc tctcttg 37

<210> 8  
 45 <211> 33  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 50 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 8  
 ctttcccat ggtagatctc tggcaacaa atc 33

55 <210> 9  
 <211> 1219  
 <212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 9

```

caactat tttt tatgtatgca agagtcagca tatgtataat tgattcagaa tcgttttgac      60
gagttcggat gtagtagtag ccattattta atgtacatac taatcgtgaa tagtgatatg      120
atgaaacatt gtatcttatt gtataaatat ccataaacac atcatgaaag acactttcctt      180
tcacggctctg aattaattat gatacaattc taatagaaaa ogaattaaat tacgttgaat      240
tgtatgaaat ctaattgaac aagccaacca cgacgacgac taacgttgcc tggattgact      300
cggtttaagt taaccactaa aaaaacggag ctgtcatgta acacgoggat cgagcaggtc      360
acagtcatga agccatcaaa gcaaaagaac taatccaagg gctgagatga ttaattagtt      420
taaaaattag ttaacacgag ggaaaaggct gtctgacagc caggtcacgt tatctttacc      480
tgtggtcgaa atgattcgtg tctgtcgatt ttaattattt ttttgaaagg cggaaaataa      540
agttgtaaga gataaacccg cctatataaa ttcatatatt ttctctcog ctttgaattg      600
tctcgttgtc ctccctactt tcatcagccg ttttgaatct ccggogactt gacagagaag      660
aacaaggaag aagactaaga gagaaagtaa gagataatcc aggagattca ttctccgttt      720
tgaatcttcc tcaatctcat cttcttccgc tctttctttc caaggtaata ggaactttct      780
ggatctactt tatttgctgg atctcgatct tgttttctca atttccttga gatctggaat      840
tcgtttaatt tggatctgtg aacctccact aaatcttttg gttttaactag aatogatota      900
agttgaccga tcagttagct cgattatagc taccagaatt tggcttgacc ttgatggaga      960
gatccatggt catgttacct gggaaatgat ttgtatatgt gaattgaaat ctgaactggt     1020
gaagttagat tgaatctgaa cactgtcaat gttagattga atctgaacac tgtttaagtt     1080
agatgaagtt tgtgtataga ttcttcgaaa ctttaggatt tgtagtgtcg tacgttgaac     1140
agaaagctat ttctgattca atcagggttt atttgactgt attgaactct ttttgtgtgt     1200
5  ttgcagcaga ctcaccatg                                             1219

```

<210> 10

<211> 1271

<212> ADN

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> misc\_feature

<222> (535)..(536)

15 <223> y = c o t/u

<220>

<221> misc\_feature

<222> (561)..(561)

<223> y = c o t/u

<400> 10

```

ccatttttct tttgcataat tcatgtttat ttttttattt ttttcatctt gcataattca      60

    tgtttaaag gatatataca tgggtctact acattctoct gacattacgt tttatgtgtt      120
    tgtcttctga aaataatcat caaaatattt caggacttgt ttacgttttc aggagaaaaa      180
    aaataactgt acccttttca atatagaaat aacatttcta gaaatcgtgg attttcctta      240
    ataaacaatc caaaacacga ccaccgttgt ctctctgact cggtaacacc cgatcgccga      300
    ctgaaaatt agaagaaaaa tgaaaagaat aataaaaaaa aaaaaggaat gatgattgaa      360
    gctgtcatat atgtcgaccc tatcacagtc aatccaatag cctatattcg ccaactgata      420
    tatccaacgg ctcaaaatt ttcacaaact tttcaaaaaa gtataataaa agaggctgtc      480
    tgacagccat gtcacgttat actttttcog tatgatcgaa atgattogtc tttgyygaat      540
    ttaattattt ccaaaattga ygactctaaa gaaaaaaaaa tagtttttca gataaacccg      600
    cctatataaa tagttcaaca ctcggtttat ttcttctccc ctcaaagaat tgctctctcg      660
    tcttcagctt catcggccgt tgcatttccc ggcgataaga gagagaaaga ggagaaagag      720
    tgagccagtt cttcatcgtc gtggttcttg tttcttctc gatctctoga tcttctgctt      780
    ttgcttttcc gattaaggta attaaaacct ccgatctact tgttcttggtg ttggatctcg      840
    attacgattt ctaagttacc ttcaaaagtt gtttccgatt tgattttgat tggaaattag      900
    atcggcmeta ctattggaaa tttttgatcc tggcaccgat tagctcaacg attcatgttt      960
    gacttgatct tgcggttgat ttgaaatoga tccggatcct ttcgcttctt ctgtcaatag     1020
    gaatctgaaa tttgaaatgt tagttgaagt ttgacttcag attctggtga tttattgact     1080
    gtaacatfff gtcttccgat gagtatggat tcggtgaaat ctgctttcat tatgattcta     1140
    ttgatagata catcatacat tgaattgaat ctactcatga atgaaaagcc tggtttgatt     1200
    aagaaagtgt tttcggtttt ctogatcaag attcagatct ttatgttttt gattgcagat     1260
    cgtagaccat g                                                    1271

```

5

<210> 11

<211> 1393

<212> ADN

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 11

ES 2 624 689 T3

```

acaaccaa at gtcaaatgga atgcatcaga gaccaaacct gtaagagtcc acaaaacaat      60
tcaaagaaag aatatcaaca attcagagat tcaatcctaa aacaaaaaga gaactgaaac      120
caaatcgtac ctacacgacc agtgaagata ccaatagaga gctctgttgt agaatacaac      180
acattaagcg caattagcag aaacagtctc ttcattctgcc gatttccact tgcactact      240
ccaaaaacct cccaaacctat ttocaaaaca gacacttttg ccatgtctac atctttccct      300
tccccgaaaa acacatcatt tccatcaacg gagtaaatat ccggcggcat atogatgtc      360
gagaccgtcc tatcgagaaa aggcttagcc gcttccgtga ccgccggcgt tcgtggaccg      420

tgagattgct gaaacgagcg agaataagca agcctccgat cattagcagc atatccgaca      480
tcgctgctcc gatcatcagg gagctcgta tcgctcgag gattaaagga aatggatctc      540
tccattttct tctttgatct taaagttcca acttcggcaa atactaaaat caacagtcag      600
tcgtacaaag aaactctgct tatacagtaa agtcaatggg ccaactgttct aagcccatat      660
ataattttag aagcccatag aatacaaaaag agtcaagaag cattgaccgc acaagaaaaa      720
aacaattggt aaaaagggtt ggttagtggt tatgtatata tgaaatgcaa caaacattat      780
acagcccatt aatatgggtt gttataggta gatgtcccca ttaaggaact ttatccagcc      840
cattaaatta ctttacagag taaaagagag agagaagatt tacagttacg ttaccaaatt      900
ttcgaaatga ttttaattagt aataaataaa taattaaatg tcagttactc tctttagaaa      960
gctaaataag acagctgttt ccaccaacaa cgtgactggg cgtgggggtcc tccttcgttc     1020
aaagtgatat tcagaaatca acggctgaga tcttctocat caatatttat tacgggctca     1080
ttccttcctt ttttaaactt caattctccg gctcacattc tcttcttcat tcgctccgtt     1140
tctctctcaa aaactacaca ccogtaaccac accaccaccc tcctcgtttc ctcagagatc     1200
ccctctctaa cttctaaggt aatcacattt ccataacggt ccatcgtcat tgattcttca     1260
ttagtatgcg tttatgaagc tttttcaatt taattctctt tggtagatct taagattcct     1320
ctgtttcttg caaaataaag ggttcaatta tgctaataatt ttttatatca attttgacag     1380
gatatagacc atg                                                                1393

```

<210> 12  
 <211> 1160  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

5

<220>  
 <221> misc\_feature  
 <222> (565)..(565)  
 <223> y = c o t/u

10

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (571)..(571)  
<223> y = c o t/u

5

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (638)..(638)  
<223> n = a o g o c o t/u

10

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (656)..(656)  
<223> n = a o g o c o t/u

15

<400> 12

ggaagtttct ctcttgaggg aggttgctcg tggaaatggga cacatatggt tgttataata 60

aaccatttcc attgtcatga gattttgagg ttaatataata ctttacttgt tcattatttt 120  
 atttggtggt tgaataaatg atataaatgg ctcttgataa tctgcattca ttgagatata 180  
 aatattttac tctagagaag agtgtcatat agattgatgg tccacaatca atgaaatttt 240  
 tgggagaoga acatgtataa ccatttgctt gaataacctt aattaaaagg tgtgattaaa 300  
 tgatgtttgt aacatgtagt actaaacatt cataaaacac aaccaacca agaggtattg 360  
 agtattcacg gctaaacagg ggcataatgg taatttaaag aatgatatta ttttatgtta 420  
 aaccotaaca ttggtttogg attcaacgct ataaataaaa ccaactctogt tgctgattcc 480  
 atttatogtt cttattgacc ctagocgcta cacacttttc tgggatatac ctgaggttaag 540  
 cgttaacgta cccctarata gttcyttttc yttttcgtct gctgatogtt gctcatatta 600  
 tttogatgat tgttggtatc gatgctcttt gttgattnat cgttctgaaa attctnatct 660  
 gttgtttaga ttttatogat tgttaataac aacgtttcac tgcttctaaa cgataattta 720  
 ttcataaac tattttccca ttctgatoga tcttggtttg agattttaat ttgttcgatt 780  
 gattggtggt tgggtgatct atatacagat gaactgttg atttgcgtat ttaagatgta 840  
 tgctgatttg aattgtgatt gggtaattct ggagtagcat aacaaatcca gtgttcctt 900  
 tttctaaggg taattctcgg attggttgct ttatatctct tgaattgoc gatttgattg 960  
 aatttagctc gcttagctca gatgatagag caccacaatt tttgtggtag aatcggttt 1020  
 gactccgata ggggcttttt actatgattg ttttgtgtta aagatgattt tcataatggt 1080  
 tatatatgct tactgttttt attgattcaa tatttgattg ttcttttttt tgcagatttg 1140  
 ttgaocagag atctaccatg 1160

<210> 13  
 <211> 29  
 5 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

10 <400> 13  
 cccaagctta aatgacatca gatacagc 29

15 <210> 14  
 <211> 24  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

5 <400> 14  
 cataagctta gaggtccaaa ttca 24

<210> 15  
 <211> 32  
 10 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

15 <400> 15  
 ccatcagcca tggcttcta cctttatgca aa 32

<210> 16  
 20 <211> 36  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

<220>  
 25 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 16  
 ccaagcttac cacactcaga tgcataaaca aacaca 36

30 <210> 17  
 <211> 31  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

35 <220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 17  
 40 catcagccat ggtctactct ctgcaaaaac a 31

<210> 18  
 <211> 27  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

45 <220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 18  
 50 gcaaagctta ctagtcaaca attggcc 27

<210> 19  
 <211> 28  
 <212> ADN  
 55 <213> Artificial

<220>

<223> Oligonucleótido sintético

<400> 19  
 gatcggccat ggtcactaa aaaaaaag 28

5

<210> 20  
 <211> 36  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

10

<220>  
 <223> Oligonucleótido sintético

<400> 20  
 15 ggaagcttgc ggccgcttc tactctacat gttct 36

<210> 21  
 <211> 31  
 <212> ADN  
 20 <213> Oligonucleótido sintético

<400> 21  
 gactagccgc catggtcaa tctctagctg a 31

25 <210> 22  
 <211> 1578  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

30 <400> 22

ES 2 624 689 T3

taaatgacat cagatacacg cttgtgaacc atctttaaag tattgatgga ctcttcacta 60  
 tgaaagctct ctttaaaatt aattttcttt gtacatgtct ctaagcaatg tcaaattaat 120  
 tagaggtoea aattcaaaaa aatgtogtat tgaatcattc cattaactaaa ttggttcaat 180  
 gtcagattta aacagcctag ggataattta gtgagatatg agattctact ttcaacatat 240  
 actaatccta aatctctagc aactttttat ataagctata aatatcatga aaatgtattt 300  
 taatogtttc ataatttatg cagtcacact aatggaaaaa aggccaatta ttattatfff 360  
 cttcagacta taaatgaaaa cataaattaa aatgcagatt agtttaaaat ttaataagt 420  
 aagtaaaatg cttatagcct tatacaaaaat catatfctgga agtttctaac attgcttgcaa 480  
 tttgttatca caaatcacag taatattttgt atactaatta gtaattacaa ctatacacia 540  
 atttaaatgg gtaatcatat atttgtgtcc agtggattga acaaatatgc tccgcccctg 600  
 ccggaagtaat gccaatfctg ggtgagtaaa gcccatgcga aattttcaca taagaaatgc 660  
 atgctfcttg ttttcaacga catgagttgc atgctfctta tcattgctta tatagcttga 720  
 agtttgcaac tccctgatat tttfcttatg tagacactac taccaccaa aactfcttgg 780  
 ctgcttattc ttgtttacta tgtaaaaaaa ataaatgaat tgtttattta ctccgatttg 840  
 atggagctg gtttatgag gtttatagcc tttacagaaa attgatagtt acaaaaaat 900  
  
 ttttcaaaaa taaaagggt aaccctcat ttcaagttgt tattgtfcttg ggggactgga 960  
 tttgaaatga aatatagaac ccgaaaacaa ggtgagccga agtcgaagcc tttggaccog 1020  
 ttttatatt tactctccc attccctct ccttcaatcc ttccttctc ctctccctt 1080  
 cttctcttc cctctttca tttccagcc actacaaaact tttctatct tactfctfctt 1140  
 cctctcgatt tcaggtaact tttgagacc tttgttctga ttttogaaca cacacccca 1200  
 ttacgtttga ttttgatcc cgcctcgatt tcaattcatc cgttctctgag tttctfcttg 1260  
 atctgggtgt cttgagctaa tctfctctgat ctgttctta tcgattttac tcatgcctat 1320  
 gttcattaca ccatttgta tttgttfaat caaccaaaag actcatgctt ttcaaatgct 1380  
 tttaatataa tttfctctgat tgaattttat aatatttaca tgattctgga tccagaatat 1440  
 cctctctct cttccatttt gtccctgatt gatttctct tgaaaaagga ttgttctfctg 1500  
 tatctgtatt ggtgaaaaag gattgttatt tgttgataaa aatttgatct ttaacaatg 1560  
 tttggfcttg cataaagg 1578

<210> 23

<211> 1468

5 <212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 23

ttagaggtcc aaattcaaaa aaatgtcgta ttgaatcatt ccattactaa attggttcaa 60  
 tgtcagattt aaacagoccta gggataattt agtgagatat gagattctac tttcaacata 120  
 tactaatcct aaatctctag caacttttta tataagctat aaatatcatg aaaatgtatt 180  
 ttaatcgttt cataatttat gcagtcacac taatggaaaa aaggccaatt attattattt 240  
 tcttcagact ataaatgaaa acataaatta aaatgcagat tagtttaaaa ttttaataag 300  
 taagtaaaat gcttatagcc ttatacaaaa tcatatttgg aagtttctaa cattggttga 360  
 atttgttato acaaatcaca gtaatatttg tatactaatt agtaattaca actatacaca 420  
 aatttaaatg ggtaatcata tatttgtgtc cagtggattg aacaaatag ctcggccocat 480  
 gcggaagtaa tgccaatttt gggtgagtaa agcccatgcg aaattttcac ataagaaatg 540  
 catgcttttt gttttcaacg acatgagttg catgcttttt atcattgctt atatagttgc 600  
 aagtttgcaa ctcttgata ttttttttat gtagacacta ctaccaccaa aaacttttgg 660  
 tctgcttatt ctgtttact atgtaaaaa aataaatgaa ttgtttattt actccgattt 720  
 gatggagtct ggtttatgag gttttatagc ctttacagaa aattgatagt tacaaaaata 780  
 tttttcaaaa ataaaagggt aaaaccgtca tttcaagttg ttattgtttt gggggactgg 840  
 attgaaatg aatatagaa ccggaaaaca aggtgagcog aagtogaago ctttggacoc 900  
 gtttttatat ttactcctcc cattcccttc tccttcaate ctcccttctc cctcctcct 960  
  
 tcttcttctt ccctctttc atttccagc cactacaaac ttttctatct ctactttttt 1020  
 tcctctcgat ttcaggtaet ttttgagacc ctttgttgtg attttogaac acacacccca 1080  
 attacgttg attttgatc ccgcatcgat ttcaattcat ccgtttctga gtttcttttg 1140  
 gatctgggtg tcttgagcta atcttttoga tctgttgttt atcgatttta ctcatgogta 1200  
 tgttcattac accatttgtt atttgtttaa tcaaccaaaa gactcatggt tttcaaatgt 1260  
 cttaaatata atttttctga ttgaatttta taatatttac atgattctgg atocagaata 1320  
 tccttcttct tcttccattt tgtcctgtat tgatttgtct ttgaaaagg attgttcttt 1380  
 gtatctgtat tggtgaaaa ggattgttat ttgttgataa aaatttgatc tttaaacaat 1440  
 gtttggtttt gcataaaggt agaagacc 1468

<210> 24  
 5 <211> 1642  
 <212> ADN  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 24

10

ES 2 624 689 T3

tcaagcttac cacactcaga tgcataaaca aacacagcaa gaagattgcc acaaaaatca 60  
 taacgaaata atcaagagat agctatcaaa togccaccgg cgaatcatgt catactcagt 120  
 atcagaaaca gatatgatag ctcaaaatat ggattaataa tgttactaaa cacatggaca 180  
 ataatgcatc aatattgaaa gaaagaaaat ggtttagcag aagcaaatg gtttagaaag 240  
 taatgaacta cacattcaca aaggtgaaga attcgtcaag cctacaataa caaatgtcta 300  
 tactttatga gccacaaaag agatacatca cactatctga acgaaactaa agcaaccta 360  
 catagtctag aaactactaa aatgaatggt tcaaaacaat tttaacagaa ggcaaaagtg 420  
 aaacaacata ctcttttgcg agaacgagga cgaggagcta attcacgtct ggtaacaaca 480  
 tgtcccttgt tcaaccacac gaacaaaccg gtcttcactt gtggagttgt catcttctgt 540  
 aaatttcata gacaacaaac aaacaaaact ttctattcaa tacaacatca aattttacaa 600  
 gagacggatt cagagataat aaagagatga agagagttaa atcaaaaggg attgatagaa 660  
 gataccta atcaatggatc agctcctcgc gtggttcaga caaaagaagg acgcogactg 720  
 aaaattacat ttttgtatat ataccagaga gactcaagaa aaaaccctag tccagtttgg 780  
 gcttttattg ggctttataa attttgggtc agttttgaca aagtaaatac aaggctatag 840  
 ctgctttgct aacgtgatta attatttacc atttaccaaa agccttaacc gaggccgagc 900  
 gagaaaaaaaa aacaaaaaaaa aggtagaggg caagaacgtc atttccacaa ggaattgaat 960  
 cggaaaacga ggtgtgocga attogaagcc tttggaaccg tttttatact tttttacttg 1020  
 ccattcgttt ttttttgttc attggcctca tttgattact tgtttctttg atttctcctt 1080  
 ccatagaacc gaattgtttt cagtctgaga tttctcctgc cgagagaacg attttaatct 1140  
 atttctcctg gtaatgttat agcctaattt gtgttttttt ctttttctg atocggatat 1200  
 cgttattctg attgacaatt gtcagtttca tcttctatc tgtgaaattt tgattttttt 1260  
 ccgatctgtg atttcgtcat tgtatcagcg tgottatatg cgtttgaggc gtaaattgagt 1320  
 gtgtacctca tttatcattt gctatgtttt tttttttaac agagatcttc agctgtaata 1380  
 ttataataga ttgaattgat aacgtgattc tggatctgga atatatatat gtcacattct 1440  
 tcttaggatt tgattttgtc tctctttgga tattaatatt cttcactccc ttgaaaatga 1500  
 atctgtttat tataatgttt agatatattc cttaccggca tttgttttag cataaatatg 1560  
 aaacatagca ttgactgatt tgtcttttta ttattcttgt ttttttgcca aattggtctc 1620  
 atgtttttgc agagagtaga cc 1642

<210> 25  
 <211> 1241  
 <212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<221> misc\_feature

5 <222> (26)..(26)

<223> n = a o g o c o t/u

<400> 25

```

actagtcaac aattggccaa tctttingttc taaattgcta ataaaogacc atttccgtca      60
atttcccttg gttgcaacag tctaccogtc aaatgtttac taatttataa gtgtgaagtt     120
tgaattatga aaaaogaaat cgtattaaaa attcacaaga ataaacaact ccatagattt     180
tcaaaaaaac agtcacgaga aaaaaaccac agaccgtttg tctgctcttc tagtttttat     240
tatttttcta ttaatagttt tttgttattt cgagaataaa atttgaacga tgtccgaacc     300
acaaaagccg agccgataaa tcctaagccg agcctaactt tagccgtaac catcagtcac     360
ggctcccggg ctaattcatt tgaaccgaat cataatcaac ggtttagatc aaactcaaaa     420
caatctaacg gcaacataga cgcgtcgggtg agctaaaaag agtgtgaaag ccaggtcacc     480
atagcattgt ctotoccaga ttttttattt gggaaataat agaagaaata gaaaaaata     540
aaagagtgag aaaaatcgta gagctatata ttccgcacatg tactcgtttc gctttcetta     600
gtgttagetg ctgccgctgt tgtttctcct ccatttctct atctttctct ctcgctgctt     660
ctogaatctt ctgtatcadc ttcttcttct tcaagggtgag tctctagatc cgttcgcttg     720
atthtgcgtc tcgttagtog ttattggtga ttctctatgc cgatttcgct agatctgttt     780
agcatgcggt gtgggtttat gagaaaatct ttgttttggg ggttgcttgt tatgtgattc     840
gatocgtgct tgttgatog atctgagcta attcttaagg tttatgtgtt agatctatgg     900
agtttgagga ttcttctcgc ttctgtcgat ctctcgtctg tatttttgtt ttttcagtg     960
aagtgaagtt gtttagttcg aatgacttc gtgtatgctc gattgatctg gttttaatct    1020

togatctggt aggtggtgat gtttacaagt gaattctagt gttttctctt tgagatctgt    1080
gaagtttgaa cctagttttc tcaataatca acatatgaag cgatgtttga gtttcaataa    1140
acgctgctaa tcttogaaac taagttgtga tctgattcgt gtttacttca tgagcttadc    1200
caattcattt cggtttcatt ttactttttt tttagtgaac c                          1241

```

10

<210> 26

<211> 1313

<212> ADN

15 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 26

ES 2 624 689 T3

tttctactct acatgtttct tgttattagg taaagtatta ggctcttttt ttaaaaaaaaa 60  
 tgcttaatcc tctgggtacc togaaaaggg aataatactc tagttagata agtgcagcga 120  
 tcaacatgac aaaatgaatg aatgtttgct ttaattgggtg gctaaaagct aaatacacag 180  
 aaaagtcaaa attcaatctc aaaatcaacc cctctgtctc caatgtcoct aatctatacc 240  
 aaaatgtcaa tttattttct tgatcatata ttccactaat taaaaataaa tccttctcta 300  
 atgaaatttg tcaaggcctt ggaagcctag ttttaaatat taaatggaaa ctatttcttc 360  
 aacaatcaca ctgttattta gtattgttgt atgttgttca ctactttctt catttgtttt 420  
 gtaagaaact ataataagca aaaacacata ataaagtctc atgtcaaata atgaatctta 480  
 tgcacatgct tgattatfff acttgcacat atoccatca tcattatcac atttgtcaat 540  
 tacogttatc atcattactc tcattcttcc cagaactttt tcagcaattt ccatacctca 600  
 cccactaaga tcttttaacc tttttcttaa ttatagtttg gatagcactc ttttcatag 660  
 cactgaaatt tgggttgaac acataaatta ctagaaacta gaaggaaatg ttactgaaat 720  
 ttcactgatt gtctaaaatt gaataatcta aagaaaatgg ccttttaacc tttttcttag 780  
 gcccaaatgg gctcattacc actcatgctt gttcggtgac ccgattcttc cggtaaaaca 840  
 gagcctaaac cgtattttca ggtaggctg gtgttttctt aattctccaa cctaaaaata 900  
 gatggacacg tgtctataga ggctgagata ttggtctcaa tgaagaaaac taacggctca 960  
 gaccogtgta tgaacgatat taagggccaa agttgcttct gttttccaga aatttttgaa 1020  
 acccaatttc agggcacgat tccacaacct ctttcttttc ttctagatct acgtaaattc 1080  
 atcaggtaca tgttattttt tttgtttatt tgatgtcaaa attttgatca caaggaggca 1140  
 aaaccaatat aatgtaacg ctaatgcgtt tgattatggt atacgtaacg aattagattt 1200  
 aatggttaca ttttattggt ttagatttag ttatgagatt ggcattaatt attggtgttt 1260  
 cctttgaatt tgctatgfff cttatggtga tgtaatcagc tagagattga acc 1313

<210> 27  
 <211> 1946  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

5

<400> 27

aattctcagt ccaaagcctc aacaaggcca ggggtacagag tctocaaacc attagccaaa 60  
agctacagga gatcaatgaa gaatcttoa tcaaagtaaa ctactgttcc agcacatgca 120  
tcatggtcag taagtttcag aaaaagacat ccaccgaaga cttaaagtta gtgggcatct 180  
ttgaaagtaa tcttgtcaac atcgagcagc tggcttgtgg ggaccagaca aaaaaggaat 240  
gggtgcagaat tgttaggcgc acctaccaa agcatctttg cctttattgc aaagataaag 300  
cagattcctc tagtacaagt ggggaacaaa ataacgtgga aaagagctgt cctgacagcc 360  
cactcactaa tgcgtatgac gaacgcagtg acgaccacaa aagaattagc ttgagctcag 420  
gatttagcag cattccagat tgggttcaat caacaaggta cgagccatat cactttattc 480  
aaattggtat cgccaaaacc aagaaggaa tcccatcctc aaaggtttgt aaggaagaat 540  
tcgatatccc cgcggccgcg ttatcacaac caaatgtcaa atggaatgca tcagagacca 600  
aacctgtaag agtccacaaa acaattcaaa gaaagaatat caacaattca gagattcaat 660  
cctaaaacaa aaagagaact gaaaccaaat cgtacctaca cgaccagtga agataccaat 720  
agagagctct gttgtagaat acaacacatt aagcgcatt agcagaaaca gtctcttcat 780  
ctgcccattt ccacttgtca ctactocaaa aaoccccaa accatttoca aaacagacac 840  
ttttgccatg tetacatctt tcccttcccc gaaaaacaca tcatttccat caacggagta 900  
aatatccggc ggcatatcga tgctcgagac cgtcctatcg agaaaaggct tagccgcttc 960  
cgtgaccgcc ggcggttcgtg gaccgtgaga ttgctgaaac gagcgagaat aagcaagcct 1020  
ccgatcatta gcagcatatc cgacatcgct gctccgatca tcagggagct cgttatcgcc 1080  
tcgaggatta aaggaaatgg atctctccat tttcttcttt gatcttaaag ttccaacttc 1140  
ggcaaatact aaaatcaaca gtcagtcgta caaagaaact ctgottatac agtaaagtca 1200  
atgggccact gttctaagcc catatataat tttagaagcc catagaatac aaaagagtca 1260  
agaagcattg accgcacaag aaaaaacaa ttgttaaaaa gggttggtta gtgtgtatgt 1320  
atatatgaaa tgcaacaaac attatacagc ccattaaata tggttggtat aggtagatgt 1380  
ccccattaag gaactttatc cagcccatta aattacttta cagagtaaaa gagagagaga 1440  
agatttacag ttacgttacc aaattttoga aatgatttaa ttagtaataa ataaataatt 1500  
aaatgtcagt tactctcttt agaaagctaa ataagacagc tgtttccacc aacaacgtga 1560  
ctggtcgtgg ggtcctcctt cgttcaaagt gatattcaga aatcaacggc tgagatcttc 1620  
tccatcaata tttattacgg gcctattcct tctttttta aacttcaatt ctccggctca 1680

ES 2 624 689 T3

cattctcttc ttcattogot cogttttctct ctcaaaaact acacaccogt accacaccac 1740  
cacctcctc gtttctcag agatccctc tctaacttct aaggtaatca catttccata 1800  
acgttcato gtcattgatt cttcattagt atgcgtttat gaagcttttt caatttaatt 1860  
ctctttggta gatcttaaga ttctctggtt tottgcaaaa taaagggttc aattatgcta 1920  
atatttttta tatcaatttt gacagg 1946

<220>

<223> Sintético

5

<210> 28

<211> 1695

<212> ADN

<213> Artificial

10

<220>

<223> Sintético

<220>

15

<221> misc\_feature

<222> (1198)..(1198)

<223> n = a o g o c o t/u

<220>

20

<221> misc\_feature

<222> (1216)..(1216)

<223> n = a o g o c o t/u

<220>

25

<221> misc\_feature

<222> (1125)..(1125)

<223> y = c o t/u

<220>

30

<221> misc\_feature

<222> (1131)..(1131)

<223> y = c o t/u

<400> 28

ES 2 624 689 T3

aattctcagt ccaaagcctc aacaaggcca gggtagacagag tctccaaacc attagccaaa 60  
agctacagga gatcaatgaa gaatcttcaa tcaaagtaaa ctactgttcc agcacatgca 120  
tcatggtcag taagtttcag aaaaagacat ccacogaaga cttaaagtta gtgggcatct 180  
ttgaaagtaa tcttgtcaac atcgagcagc tggcttgtgg ggaccagaca aaaaaggaat 240  
gggtgcagaat tgtaggcgc acctaccaa agcatctttg cctttattgc aaagataaag 300  
cagattcctc tagtacaagt ggggaacaaa ataacgtgga aaagagctgt cctgacagcc 360  
cactcactaa tgogtatgac gaacgcagtg acgaccacaa aagaattagc ttgagctcag 420  
gatttagcag cattocagat tgggttcaat caacaaggta cgagccatat cactttattc 480  
aaattggtat cgcacaaaacc aagaaggaac tccatcctc aaaggtttgt aaggaagaat 540  
tcgatatcaa gcttgatata ggaagtttct ctcttgaggg aggttgctcg tggaatggga 600  
cacatatggt tgttataata aaccatttcc attgtcatga gattttgagg ttaatata 660  
ctttacttgt tcattatfff atttggtggt tgaataaatg atataaatgg ctcttgataa 720  
tctgcattca ttgagatata aaatatttac tctagagaag agtgtcatat agattgatgg 780  
tccacaatca atgaaatfff tgggagacga acatgtataa ccatttgctt gaataacctt 840  
aattaaagg tgtgattaaa tgatgtttgt aacatgtagt actaaacatt cataaacac 900  
aaccaacca agaggatttg agtattcacg gctaaacagc ggcataatgg taatttaag 960  
aatgatatta ttttatgta aaccctaaca ttggtttcgg attcaacgct ataaataaaa 1020  
ccactctcgt tgctgattcc atttatcgtt cttattgacc ctagccgcta cacacttttc 1080  
tgcgatatct ctgaggtaag cgtaaacgta cccttaratc gttcyttttc yttttcgtct 1140  
gctgatcgtt gctcatatta tttcgatgat tgttggtatc gatgctcttt gttgattnat 1200  
cgttctgaaa attctnatct gttgtttaga ttttatcgat tgtaaatatc aacgtttcac 1260  
tgcttctaaa cgataattta ttcataaac tattttocca ttctgatoga tcttgttttg 1320  
agattttaat ttgttcgatt gattgttggc tgggtgatct atatacgagt gaacttggtg 1380  
atthgcgtat ttaagatgta tgctgatttg aattgtgatt gggtaattct ggagtagcat 1440  
aacaaatcca gtgttccctt tttctaaggc taattctcgg attgtttgct ttatatctct 1500  
tgaaattgcc gatttgattg aatttagctc gcttagctca gatgatagag caccacaatt 1560  
tttgtggtag aatcgggtt gactccgata gcggcttttt actatgattg ttttgtgta 1620  
aagatgattt tcataatggt tatatatgct tactgttttt attgattcaa tatttgattg 1680  
ttcttttttt tgcag 1695

<210> 29  
<211> 1800

ES 2 624 689 T3

<212> ADN  
<213> Artificial

<220>  
5 <223> Sintético

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1068)..(1069)  
10 <223> y = c o t/u

<220>  
<221> misc\_feature  
<222> (1094)..(1094)  
15 <223> y = c o t/u

<400> 29

```
gggccgatgt gagacttttc aacaaagggg aatatccgga aacctcctcg gattccattg      60
cccagctatc tgtcacttta ttgtgaagat agtggaaaag gaaggtggct cctacaaatg      120
ccatcattgc gataaaggaa aggccatogt tgaagatgcc tctgccgaca gtggtcccaa      180
```

agatggaccc ccaccacga ggagcatcgt ggaaaaagaa gacgttccaa ccacgtcttc 240  
 aaagcaagtg gattgatgtg atggtccgat gtgagaactt tcaacaaagg gtaatatccg 300  
 gaaacctoct cggattccat tgcccagcta tctgtcactt tattgtgaag atagtggaaa 360  
 aggaaggtgg ctccatacaa tgccatcatt gcgataaagg aaaggccatc gttgaagatg 420  
 cctctgccga cagtgggtccc aaagatggac ccccaccac gaggagcatc gtggaaaaag 480  
 aagacgttcc aaccacgtct tcaaagcaag tggattgatg tgatatcaag cttccatctt 540  
 tcttttgcac aattcatgtt tttttttta tttttttcat cttgcataat tcatgtttaa 600  
 aaggatatat acatgggtct actacattct cctgacatta cgttttatgt gtttgtcttc 660  
 tgaaaataat catcaaaata tttcaggact tgtttacgtt ttcaggagaa aaaaaataac 720  
 tgtacccttt tcaatataga aataacattt gtagaaatcg tggattttcc ttaataaaca 780  
 atccaaaaca cgaccaccgt tgtctctctcg actcggtaac acccgatcgc cgacttgaaa 840  
 attagaagaa aatgaaaag aataataaaa aaaaaaagg aatgatgatt gaagctgtca 900  
 tatatgtcga ccctatcaca gtcaatcaa tagcotatat togccaactg atatatocaa 960  
 cggctcacia attttcacia acttttcaaa aaagtataat aaaagaggct gtctgacagc 1020  
 catgtcacgt tatacttttt ccgtatgato gaaatgatc gtctttgyyg aatttaatta 1080  
 tttccaaat tgaygactct aaagaaaaaa aatagtttt tcagataaac ccgcctatat 1140  
 aatagttca aactcgggtt tatttcttct cccctcaaag aattgcctcg tegtcttcaag 1200  
 cttcatcggc cgttgcattt cccggcgata agagagagaa agaggagaaa gagtgagcca 1260  
 gatcttcato gtctgtggtc ttgtttcttc ctogatotot cgatcttctg cttttgcttt 1320  
 tccgattaag gtaattaaaa cctccgatct acttgttctt gtgttgatc tcgattacga 1380  
 tttctaagtt accttcaaaa gttgtttccg atttgatttt gattggaatt tagatcggtc 1440  
 aaactattgg aaatttttga tcttggcacc gattagctca acgattcatg tttgacttga 1500  
 tcttgcgttg tatttgaat cgatccggat cctttcogtt cttctgtcaa taggaatctg 1560  
 aaatttgaag tgttagttga agtttgactt cagattctgt tgatttattg actgtaacat 1620  
 tttgtcttcc gatgagtatg gattcgttga aatctgottt cattatgatt ctattgatag 1680  
 atacatcata cattgaattg aatctactca tgaatgaaaa gcctggtttg attaagaaag 1740  
 tgttttcggt tttctcgatc aagattcaga tctttatggt tttgattgca gatcgtagac 1800

<210> 30  
 <211> 1742  
 <212> ADN  
 <213> Artificial

5

<220>  
 <223> Sintético

<400> 30

gtccgatgtg agacttttca acaaagggtg atatccggaa acctcctcgg attccattgc 60  
ccagctatct gtcactttat tgtgaagata gtggaaaagg aagggtggctc ctacaaatgc 120  
catcattgcg ataaaggaaa ggccatcgtt gaagatgcct ctgccgacag tggtoccaaa 180  
gatggacccc caccocagag gagcatcgtg gaaaaagaag acgttccaac cacgtcttca 240  
aagcaagtgg attgatgtga tggtcogatg tgagactttt caacaaaggg taatatccgg 300  
aaacctcctc ggattccatt gccagctat ctgtcacttt attgtgaaga tagtggaaaa 360  
ggaaggtggc tctacaaat gccatcattg cgataaagga aaggccatcg ttgaagatgc 420  
ctctgccgac agtgggtccca aagatggacc cccaccacg aggagcatcg tggaaaaaga 480  
agacgttcca accacgtctt caaagcaagt ggattgatgt gatatcaagc ttcaactatt 540  
tttatgtatg caagagtcag catatgtata attgattcag aatcgttttg acgagttcgg 600  
atgtagtagt agccattatt taatgtacat actaatcgtg aatagtgata tgatgaaaca 660  
ttgtatctta ttgtataaat atccataaac acatcatgaa agacactttc tttcacggtc 720  
tgaattaatt atgatacaat tctaatagaa aacgaattaa attacgttga attgtatgaa 780  
atctaattga acaagccaac caogacgacg actaacgttg cctggattga ctccggttaa 840  
gttaaccact aaaaaaacgg agctgtcatg taacacgcgg atcgagcagg tcacagtcac 900  
gaagccatca aagcaaaaga actaatccaa gggctgagat gattaattag tttaaaaatt 960  
agttaacacg agggaaaagg ctgtctgaca gccaggtcac gttatcttta cctgtggctg 1020  
aaatgattcg tgtctgtoga ttttaattat tttttgaaa ggccgaaaat aaagttgtaa 1080  
gagataaacc cgcctatata aattcatata ttttcctctc cgctttgaat tgtctcgttg 1140  
tcctcctcac tttcatcagc ogttttgaat ctccggcgac ttgacagaga agaacaagga 1200  
agaagactaa gagagaaagt aagagataat ccaggagatt cattctccgt tttgaatctt 1260  
cctcaatctc atcttcttcc gctctttctt tccaaggtaa taggaacttt ctggatctac 1320  
tttatgtgct ggatctogac cttgttttct caatttctt gagatctgga attcgtttaa 1380  
tttggatctg tgaacctcca ctaaactttt tggttttact agaatcgatc taagttgacc 1440  
gatcagttag ctcgattata gctaccagaa tttggcttga ccttgatgga gagatccatg 1500  
ttcatgttac ctgggaaatg atttgtatat gtgaattgaa atctgaactg ttgaagttag 1560  
attgaatctg aacactgtca atgttagatt gaatctgaac actgtttaag ttagatgaag 1620  
tttgtgtata gattcttoga aacttttagga tttgtagtgt cgtacgttga acagaaagct 1680  
atctctgatt caatcagggt ttatttgact gtattgaact ctttttgtgt gtttgcagca 1740  
ga 1742

**REIVINDICACIONES**

1. Un procedimiento de producción de una planta que expresa una secuencia de gen estructural, comprendiendo el procedimiento:
  - 5 (1) proporcionar una construcción de ADN que comprende un promotor que es funcional en una célula vegetal, comprendiendo el promotor la SEQ ID NO:28; una secuencia de gen estructural; y una región 3' no traducida que actúa para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que la secuencia de gen estructural está unida operativamente al promotor y la región 3' no traducida, y el promotor es heterólogo con respecto a la secuencia de gen estructural;
  - 10 (2) introducir la construcción de ADN en una célula vegetal; y
  - (3) regenerar la célula vegetal para producir una planta, de forma que la secuencia de gen estructural pueda expresarse en la planta.
2. El procedimiento de la reivindicación 1, en el que la secuencia de gen estructural es un gen de tolerancia a herbicidas.
3. El procedimiento de la reivindicación 1 o 2, en el que el gen de tolerancia a herbicidas es un gen de tolerancia a glifosato.
4. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que el gen de tolerancia a glifosato es un gen de la 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato (EPSP) sintasa o un gen de la glifosato oxidorreductasa.
5. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en el que el gen de tolerancia a glifosato es un gen *aroA:CP4*.
6. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en el que la construcción de ADN confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 50 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.
7. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, en el que la construcción de ADN confiere a la célula vegetal tolerancia a una formulación de glifosato acuosa que comprende al menos 300 gramos de equivalente de ácido por litro de glifosato.
8. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en el que la planta es alfalfa, brócoli, repollo, colza, coliflor, maíz, algodón, arándano, pepino, lechuga, guisante, álamo, pino, patata, cebolla, arroz, frambuesa, soja, caña de azúcar, remolacha azucarera, girasol, tomate o trigo.
9. El procedimiento de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, en el que la planta es algodón, tomate, colza, soja o girasol.
10. Una planta de cultivo transgénica que comprende una construcción de ADN que comprende la secuencia de ADN promotora quimérica de la SEQ ID NO:28 y una región 3' no traducida que actúa en plantas para provocar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; en la que una secuencia de gen estructural está unida operativamente al promotor quimérico y la región 3' no traducida, y la secuencia de ADN promotora quimérica es heteróloga con respecto a la secuencia de gen estructural.
11. La planta de cultivo transgénica de la reivindicación 10, en la que dicha planta de cultivo es una especie monocotiledónea o una dicotiledónea.
12. La planta de cultivo transgénica de la reivindicación 10 u 11, en la que la planta es alfalfa, brócoli, repollo, colza, coliflor, maíz, algodón, arándano, pepino, lechuga, guisante, álamo, pino, patata, cebolla, arroz, frambuesa, soja, caña de azúcar, remolacha azucarera, girasol, tomate o trigo.
13. La planta de cultivo transgénica de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 12, en la que el gen estructural es un gen de tolerancia a glifosato.
14. La planta de cultivo transgénica de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 13, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen de la EPSP sintasa o un gen de la glifosato oxidorreductasa.
15. La planta de cultivo transgénica de una cualquiera de las reivindicaciones 10 a 14, en la que el gen de tolerancia a glifosato es un gen *aroA:CP4*.

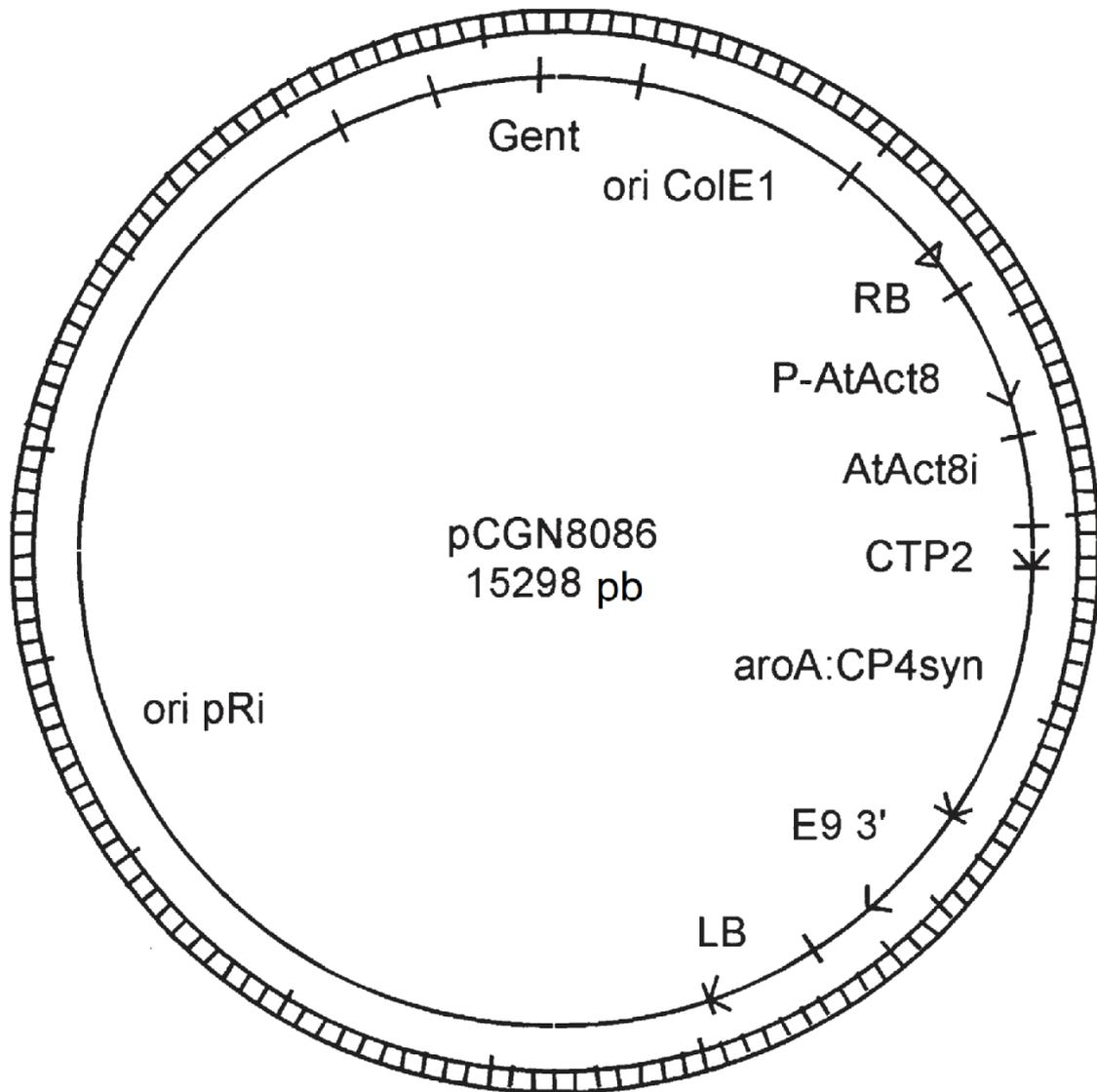


FIG. 1

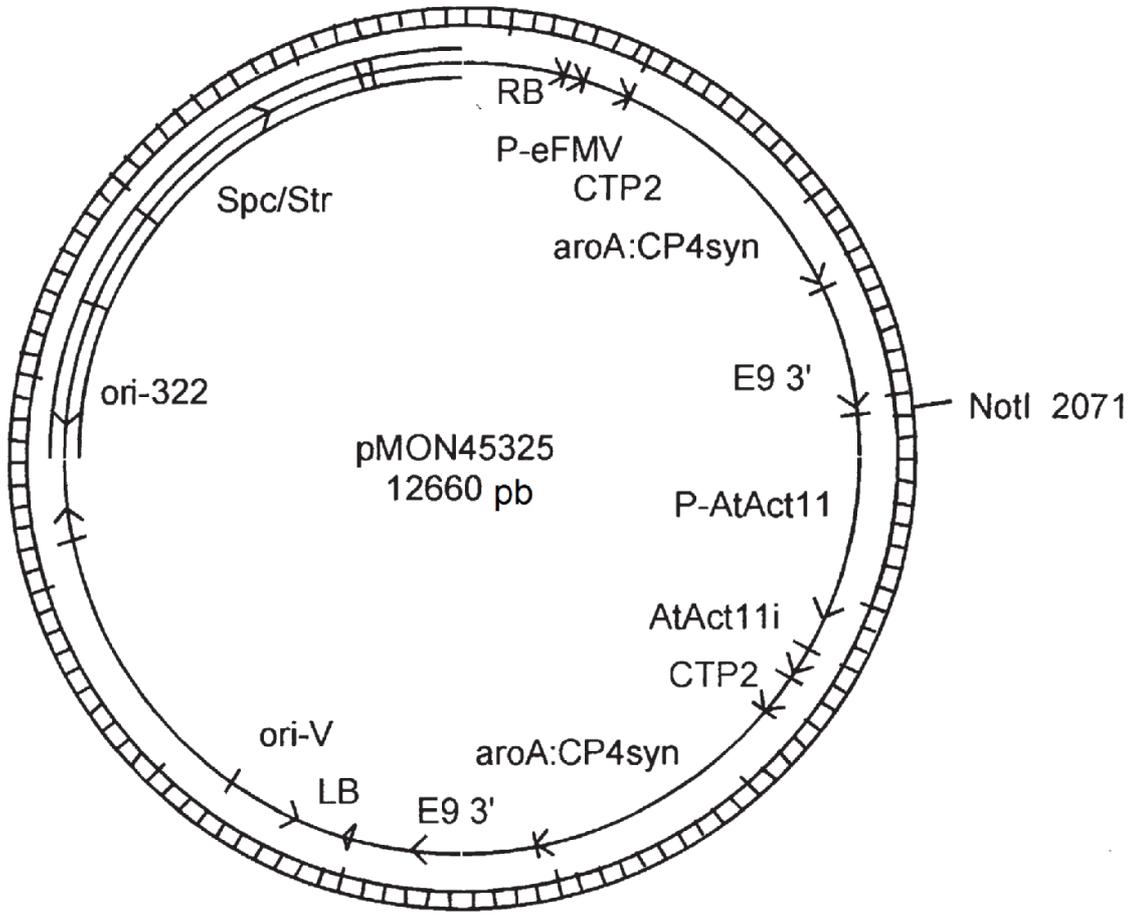


FIG. 2

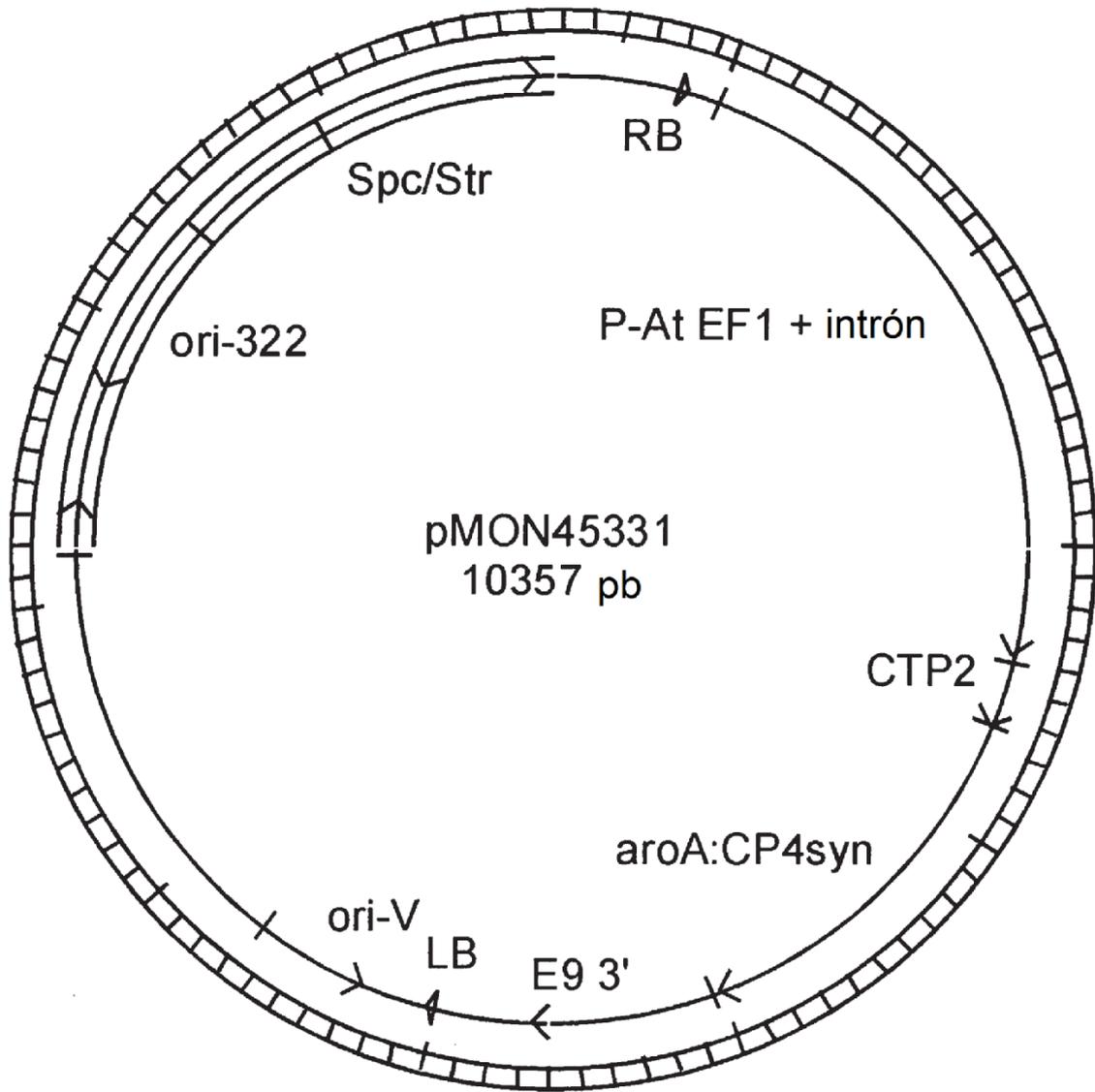


FIG. 3

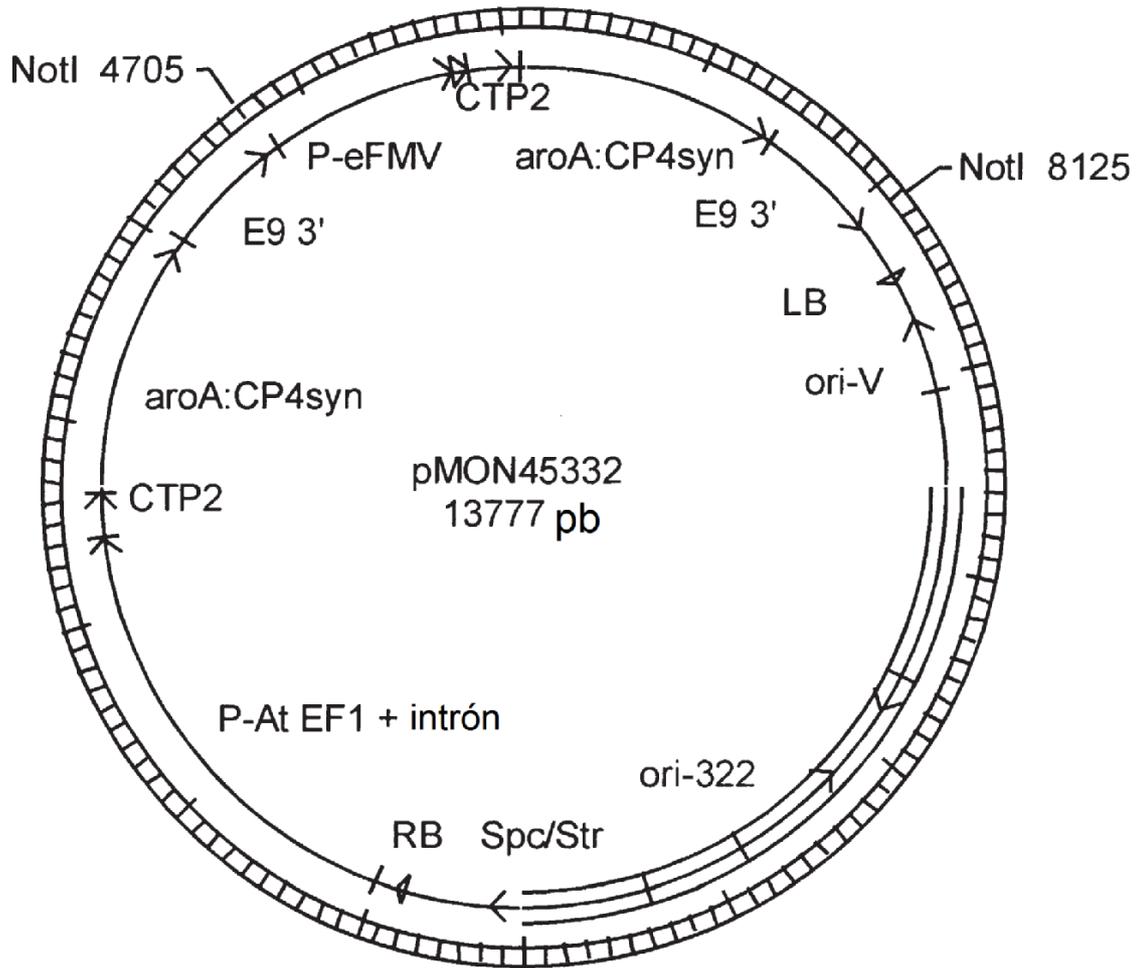


FIG. 4

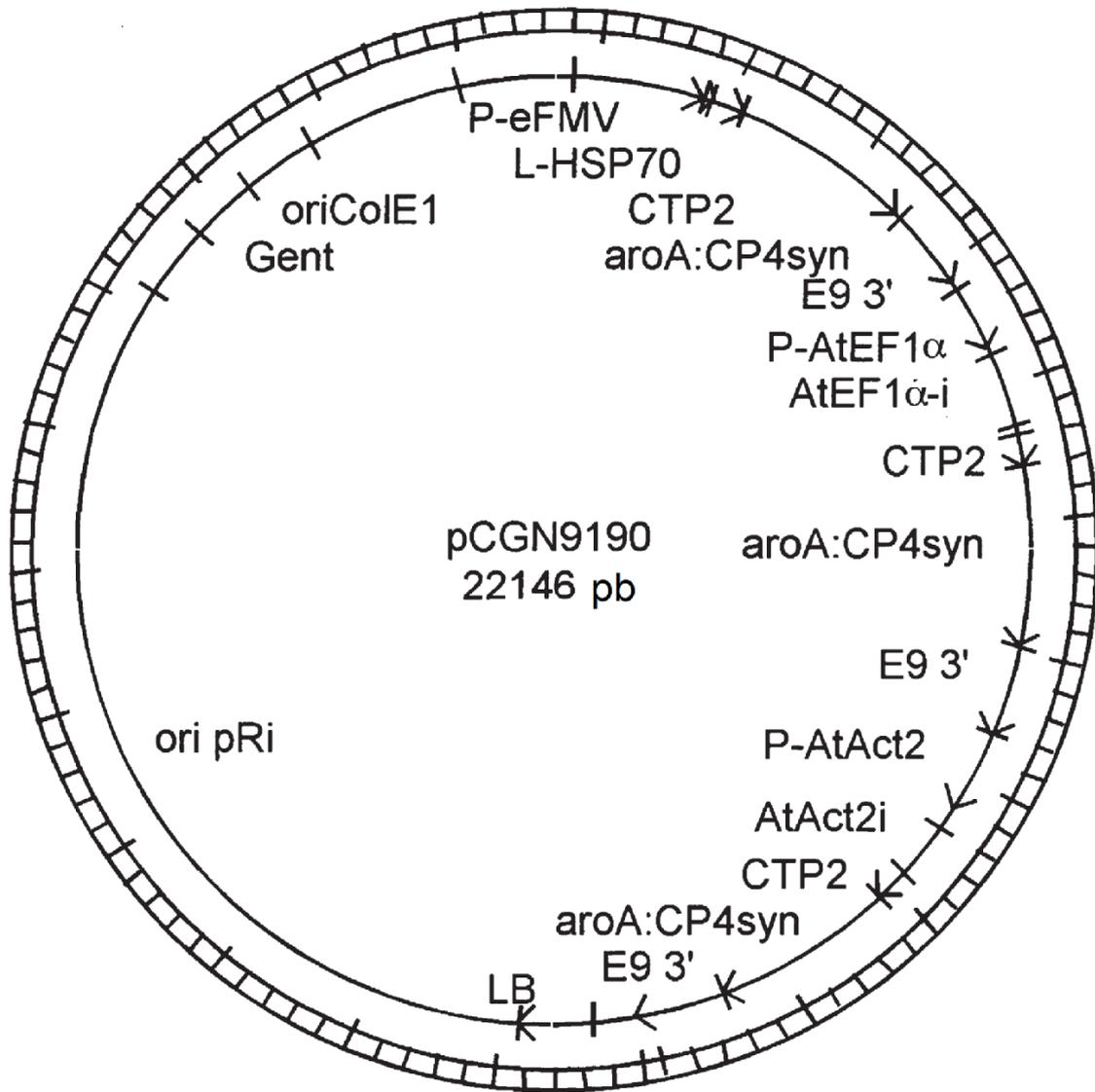


FIG. 5

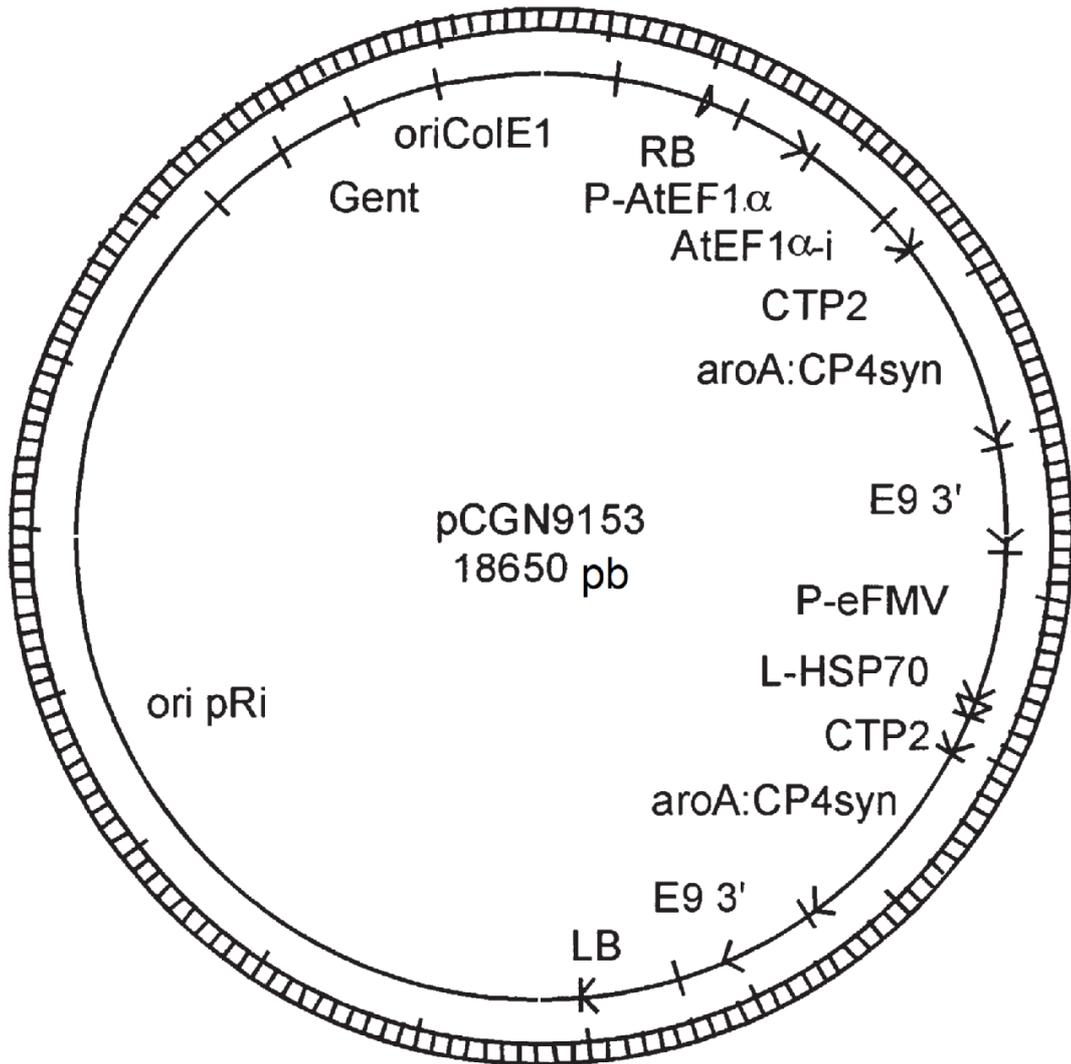


FIG. 6

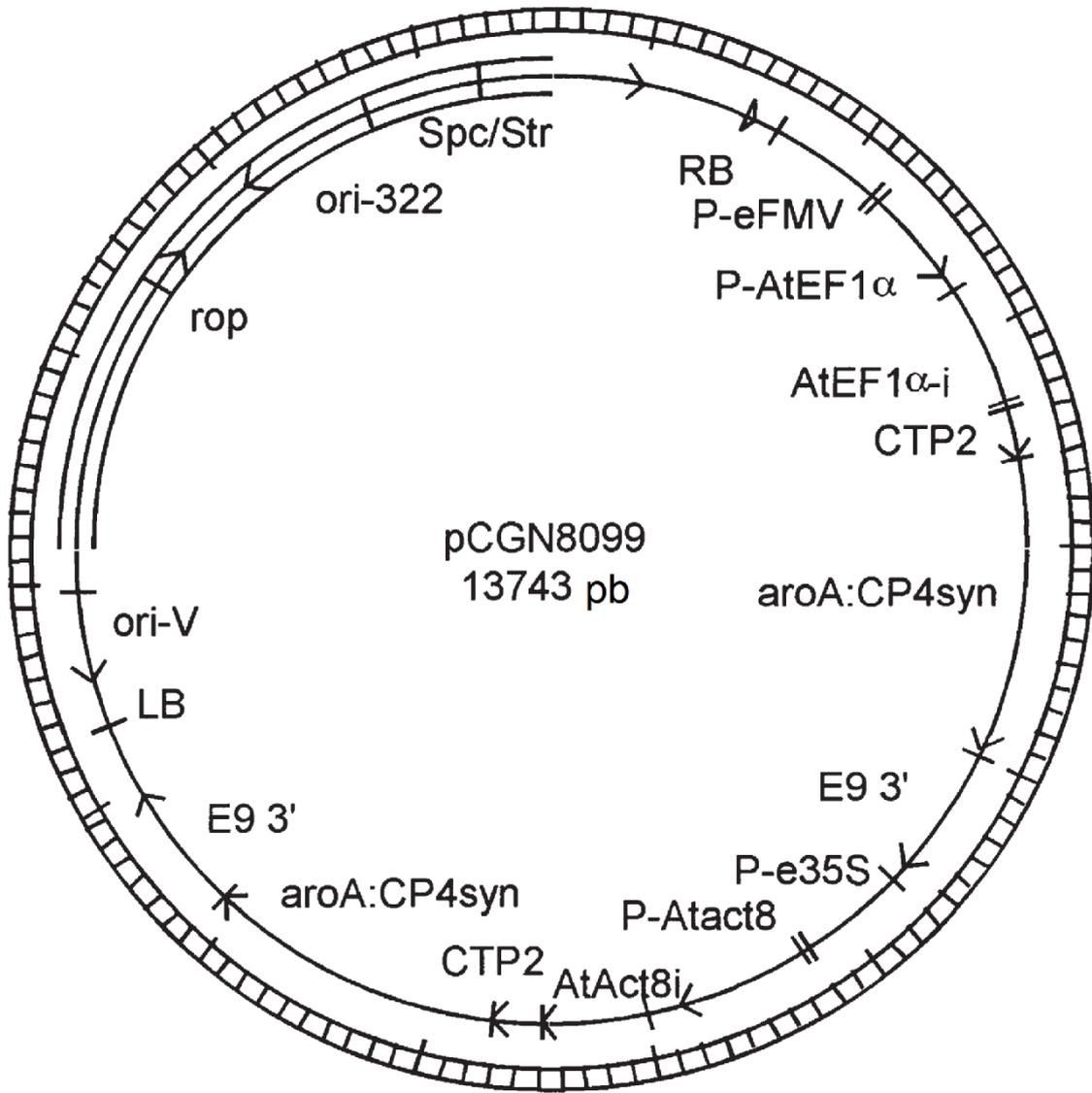


FIG. 7

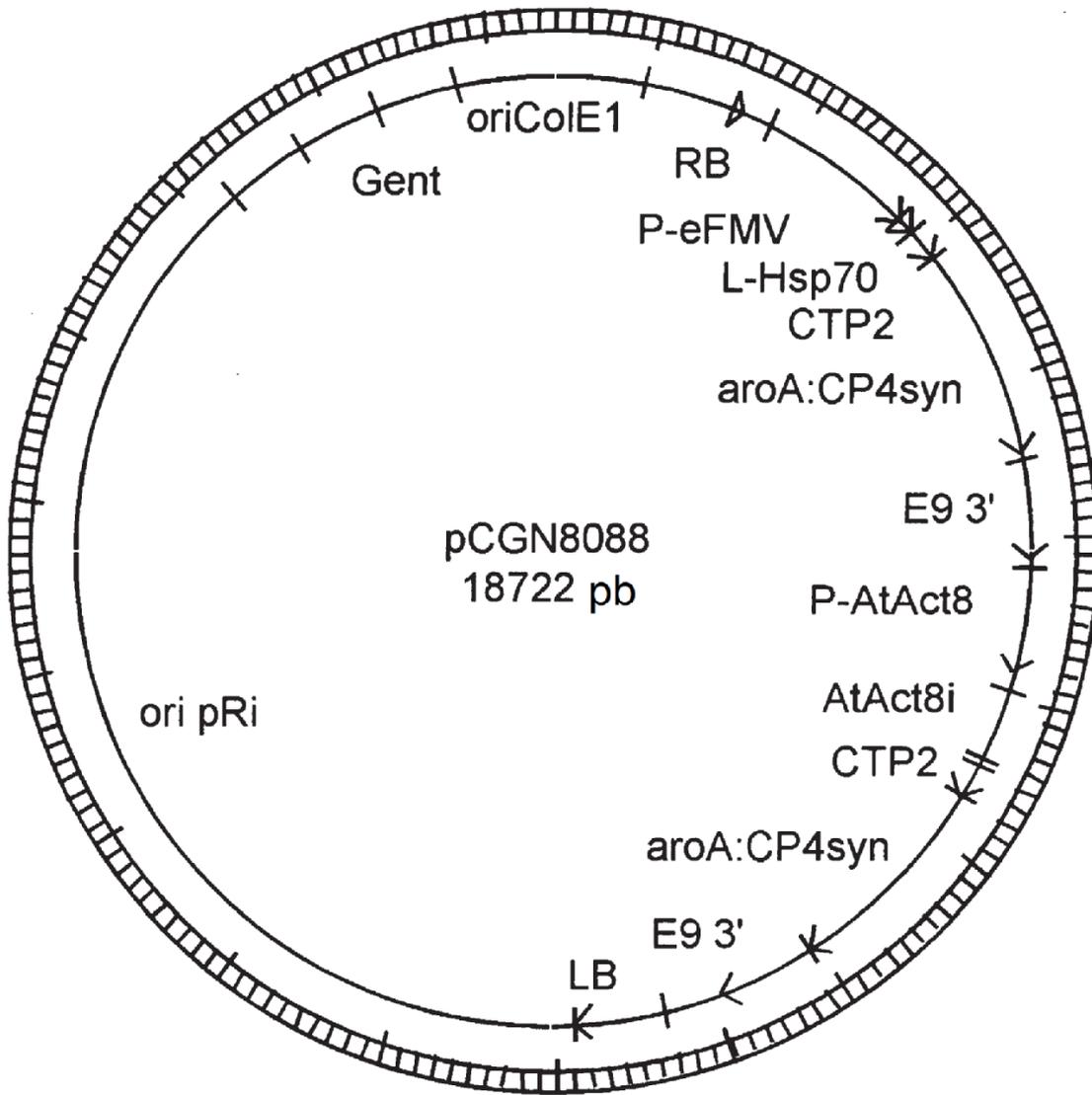


FIG. 8

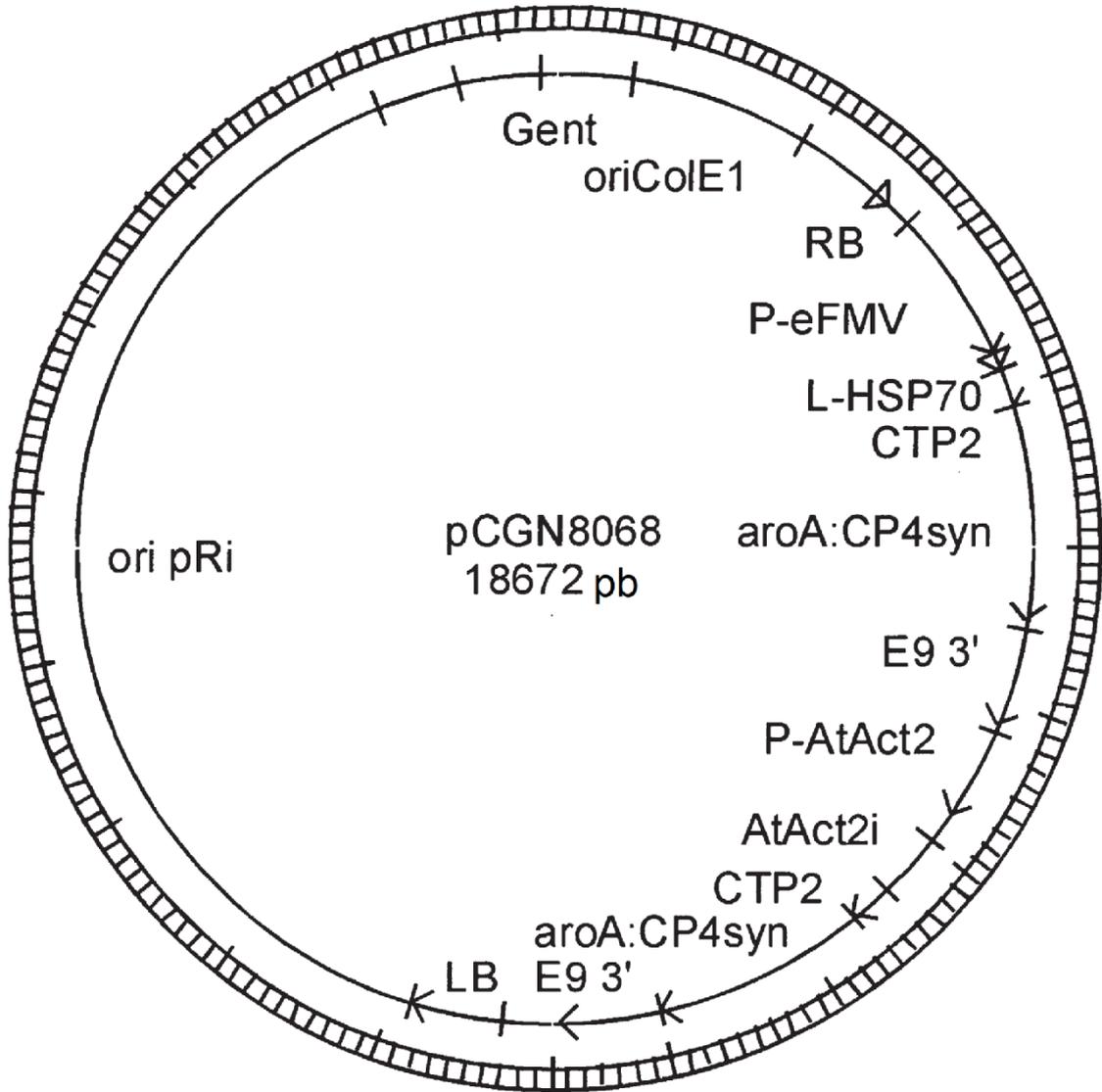


FIG. 9

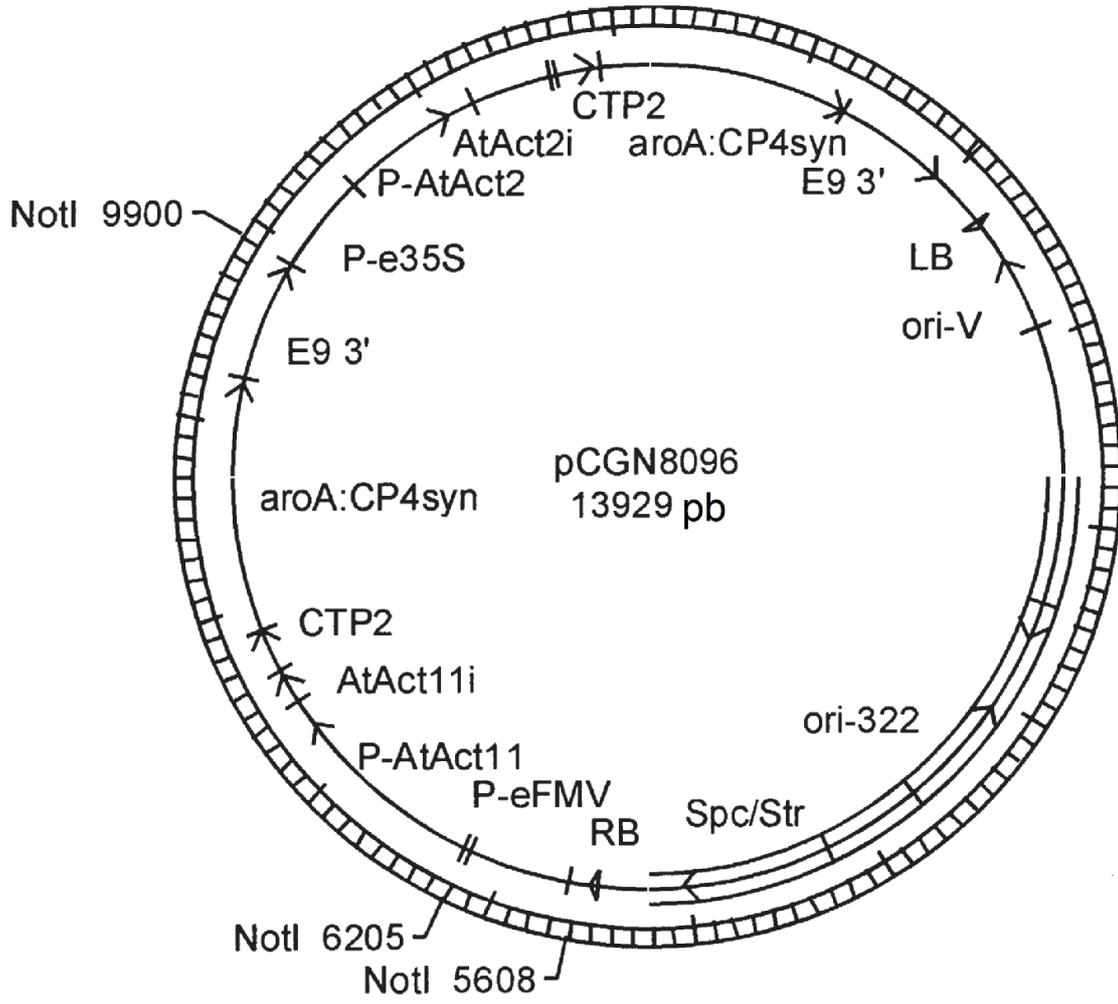


FIG. 10

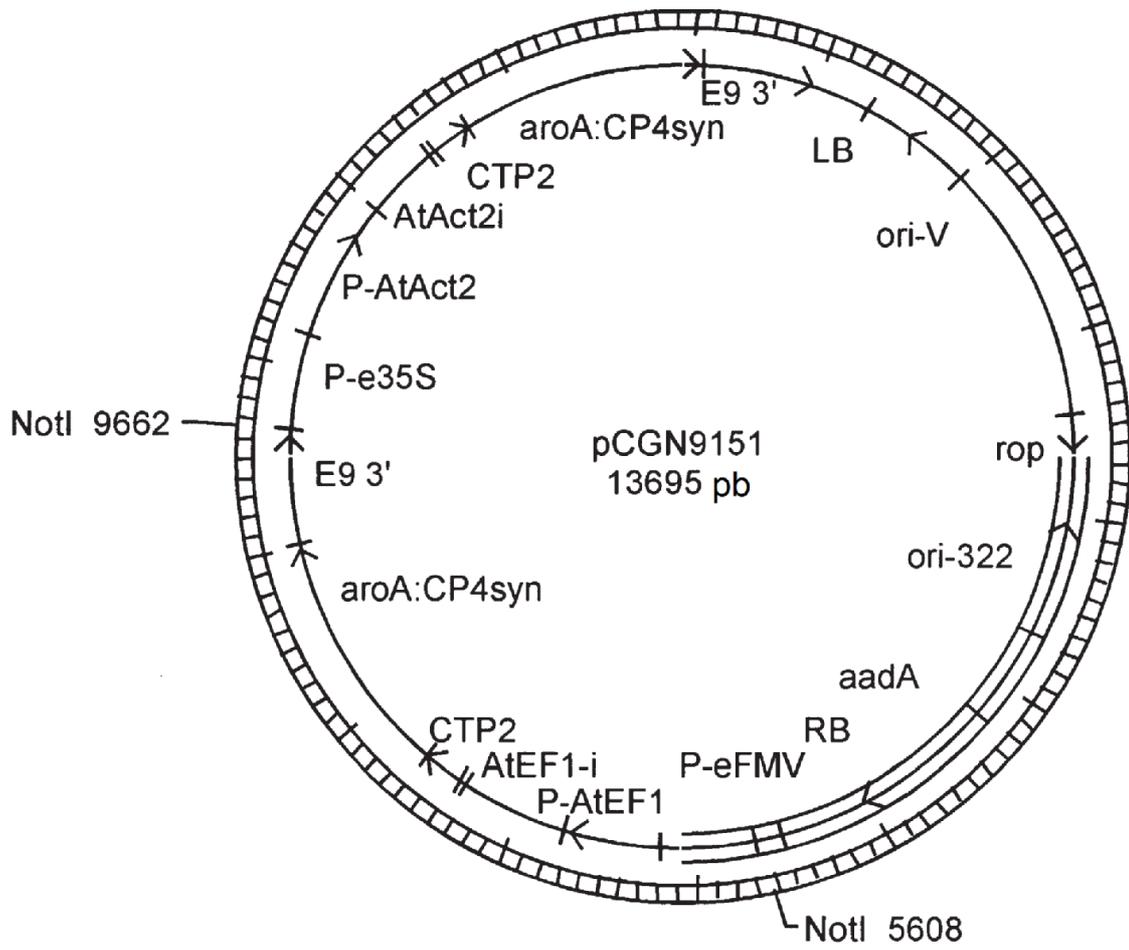


FIG. 11

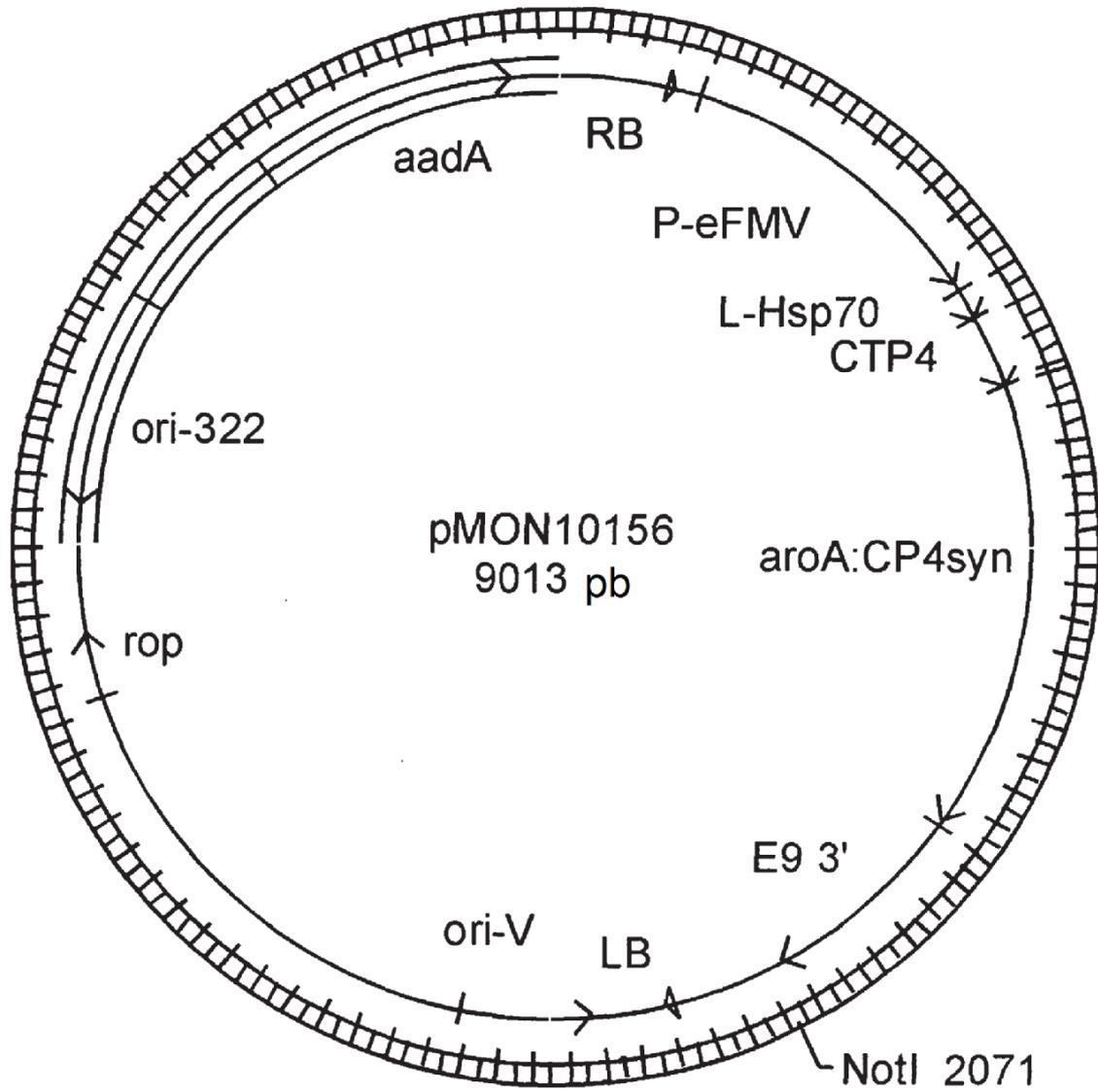


FIG. 12

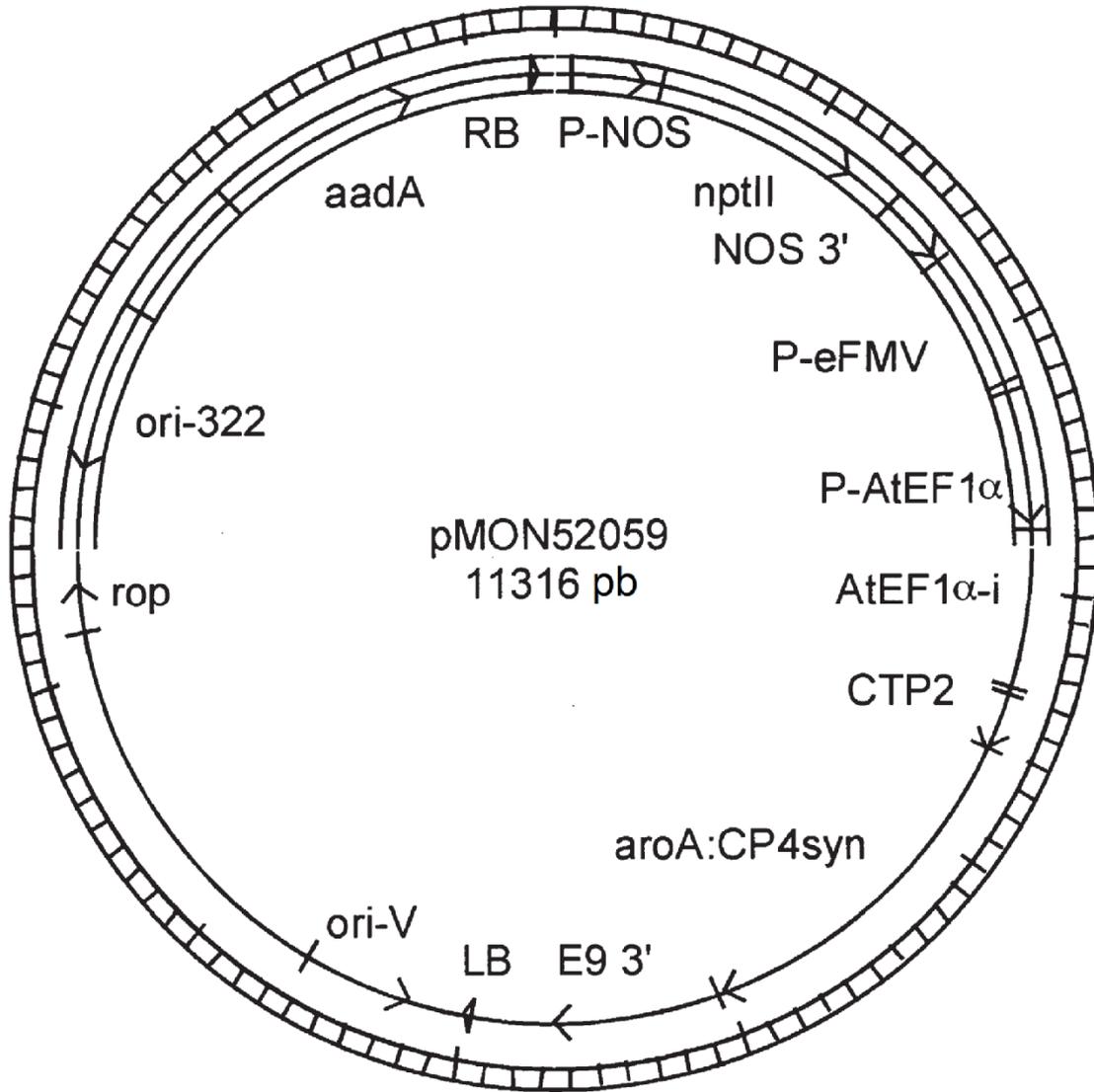


FIG. 13

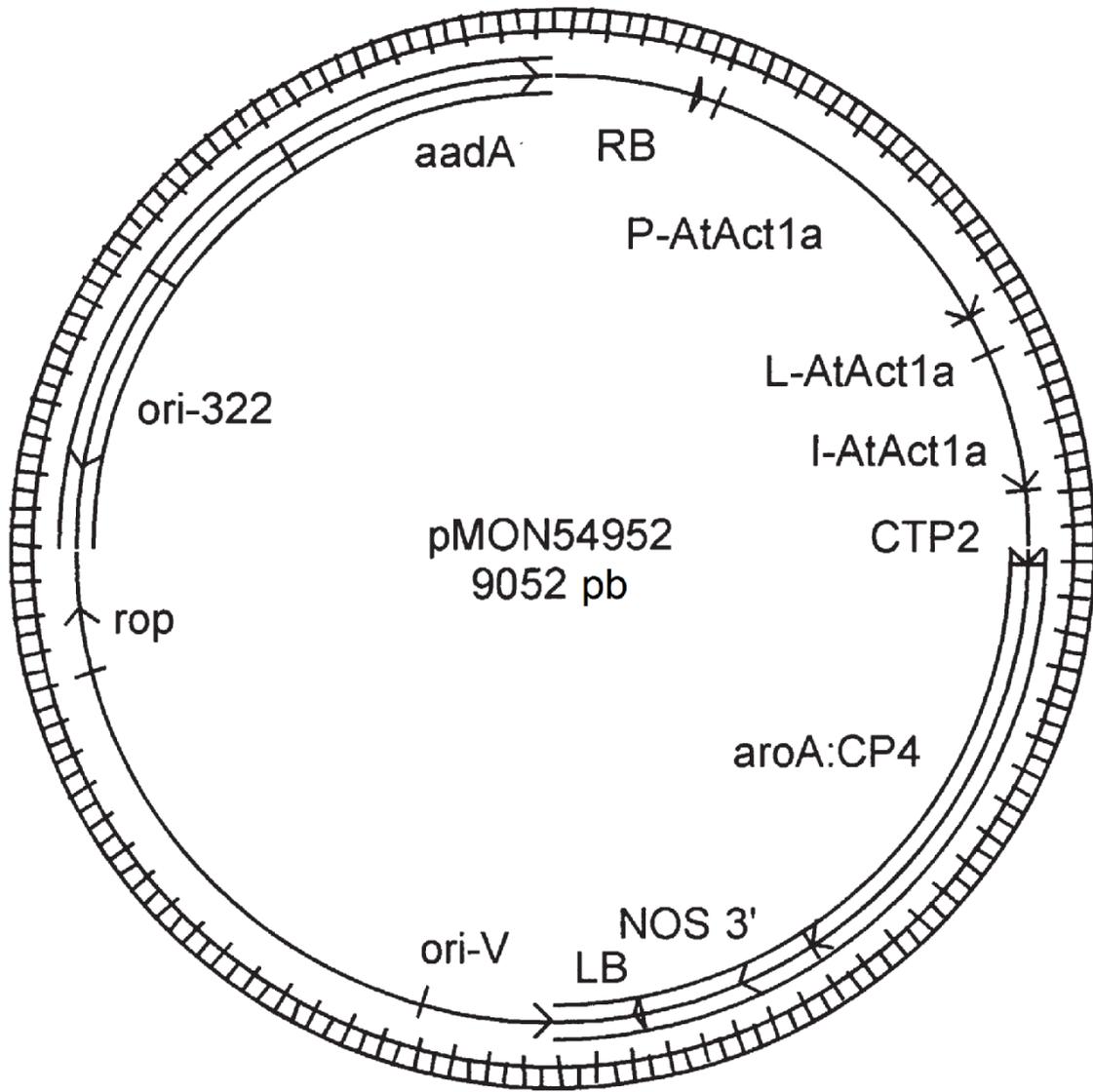


FIG. 14

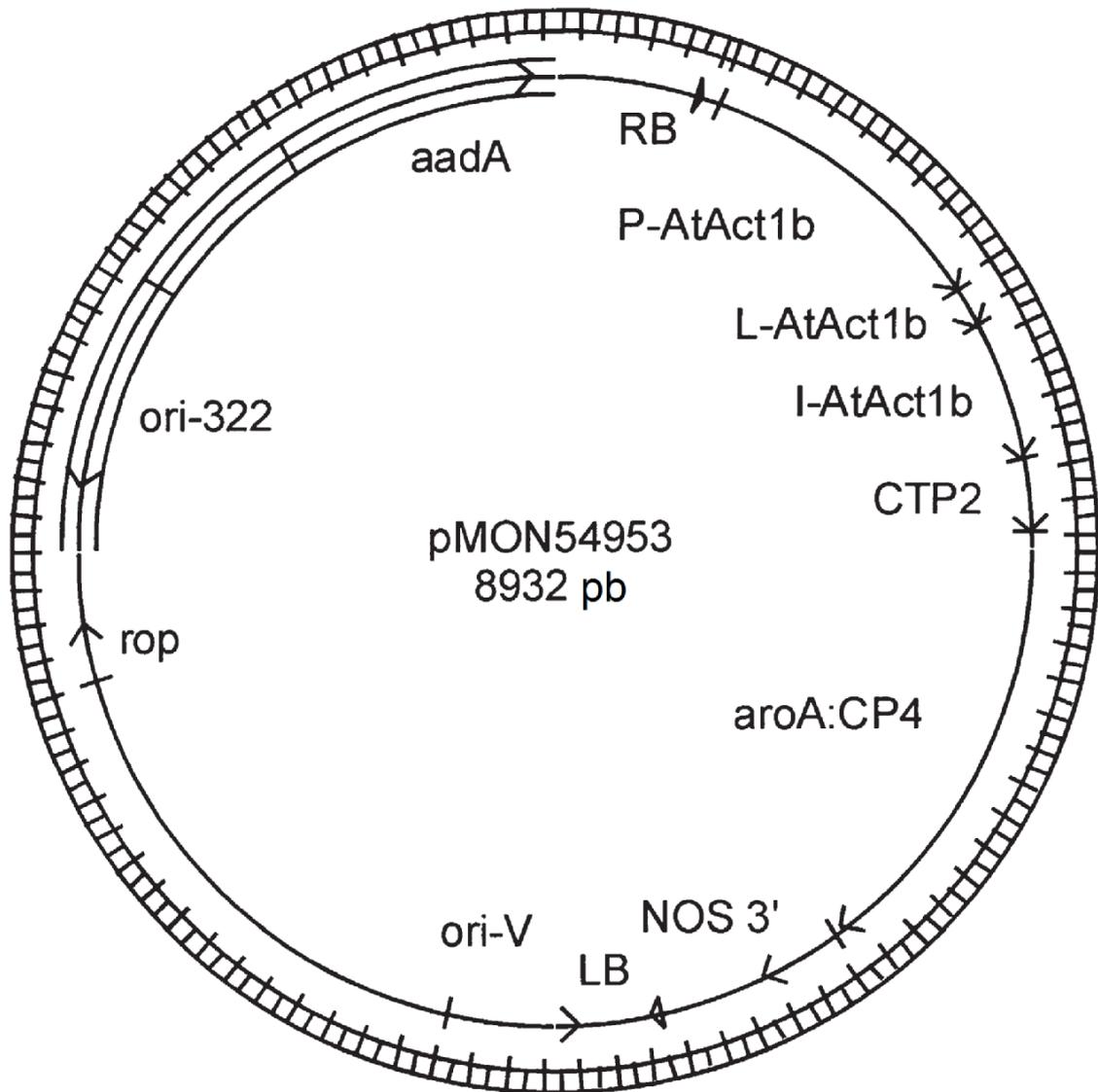


FIG. 15

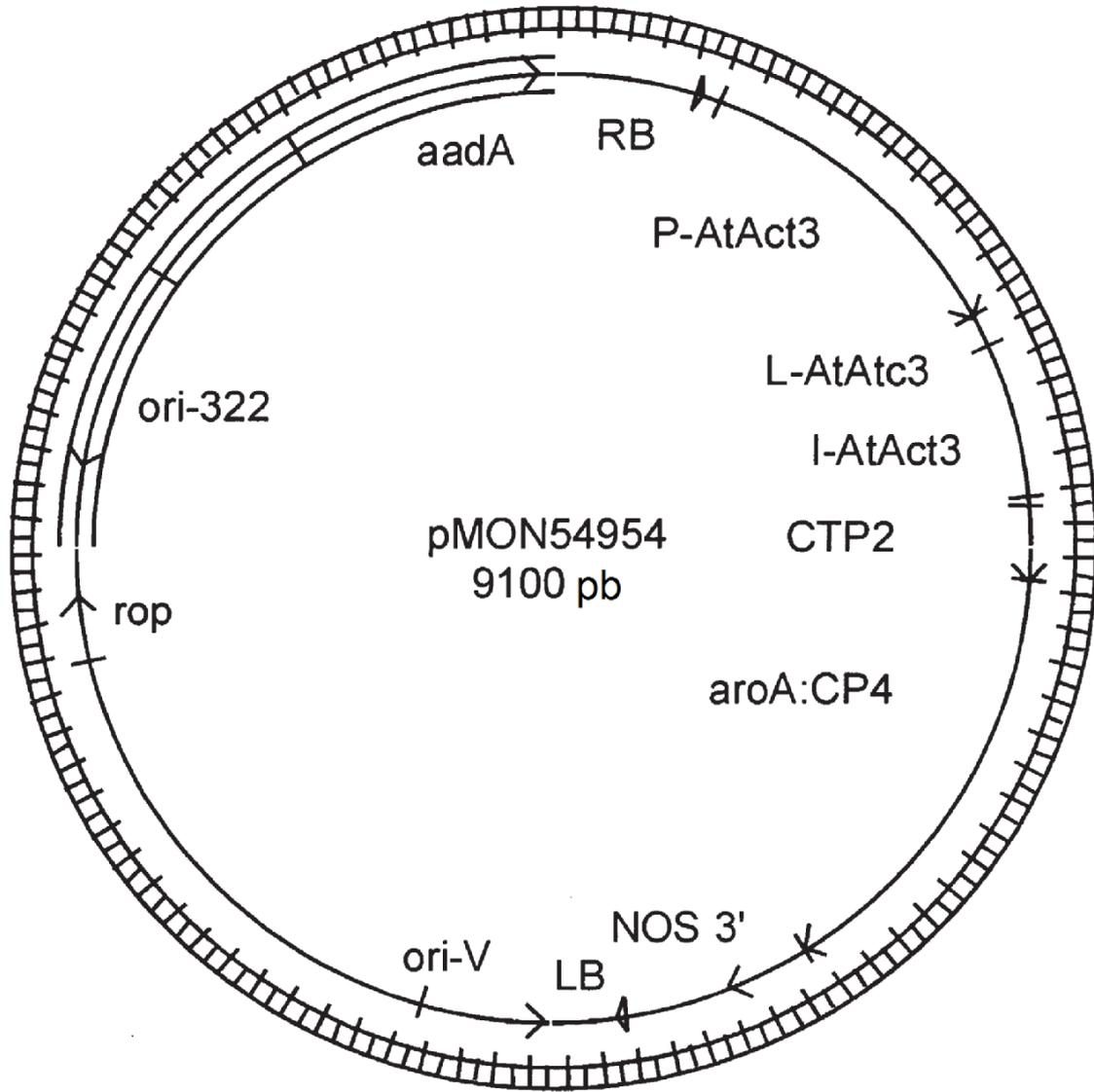


FIG. 16

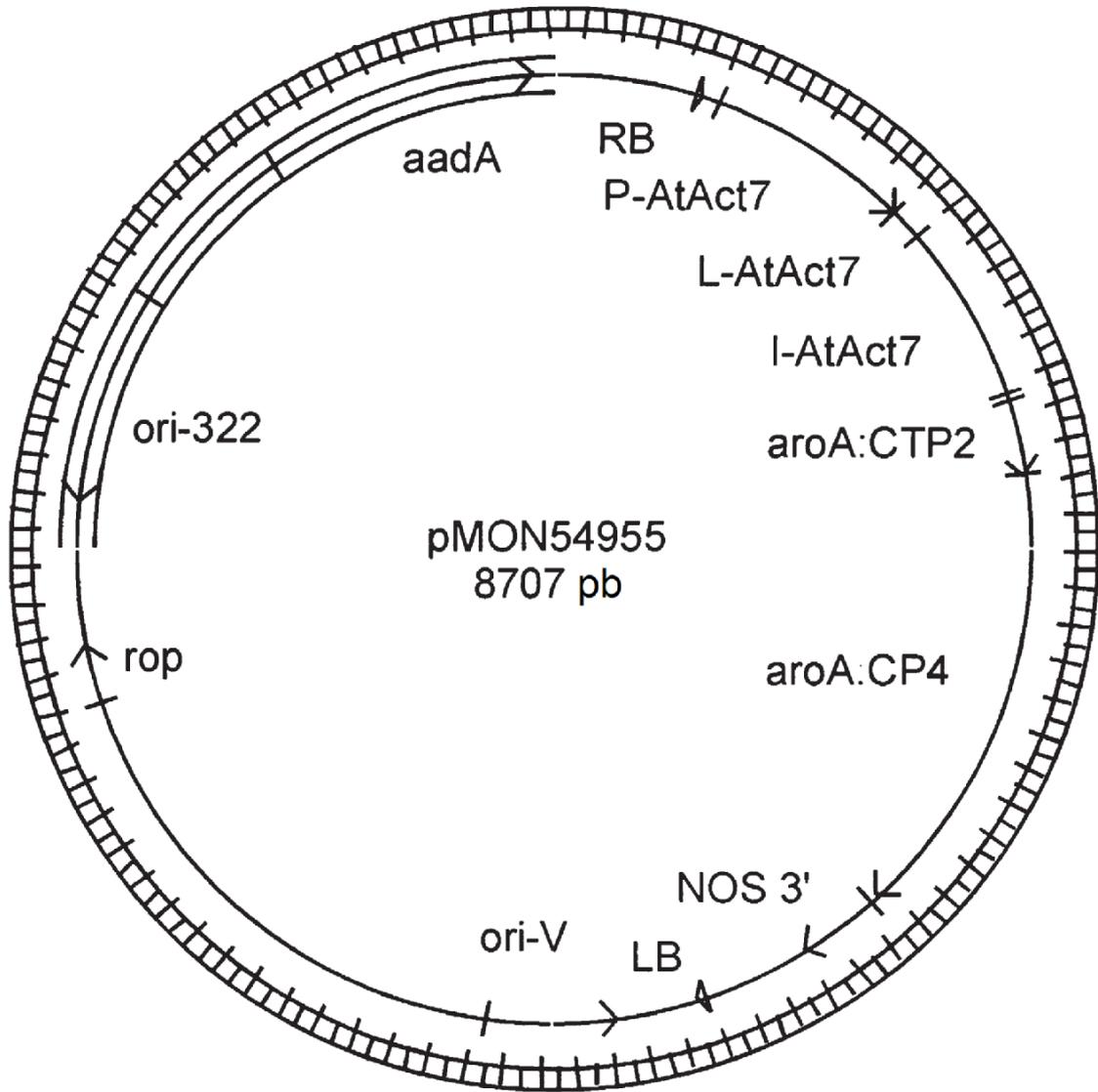


FIG. 17

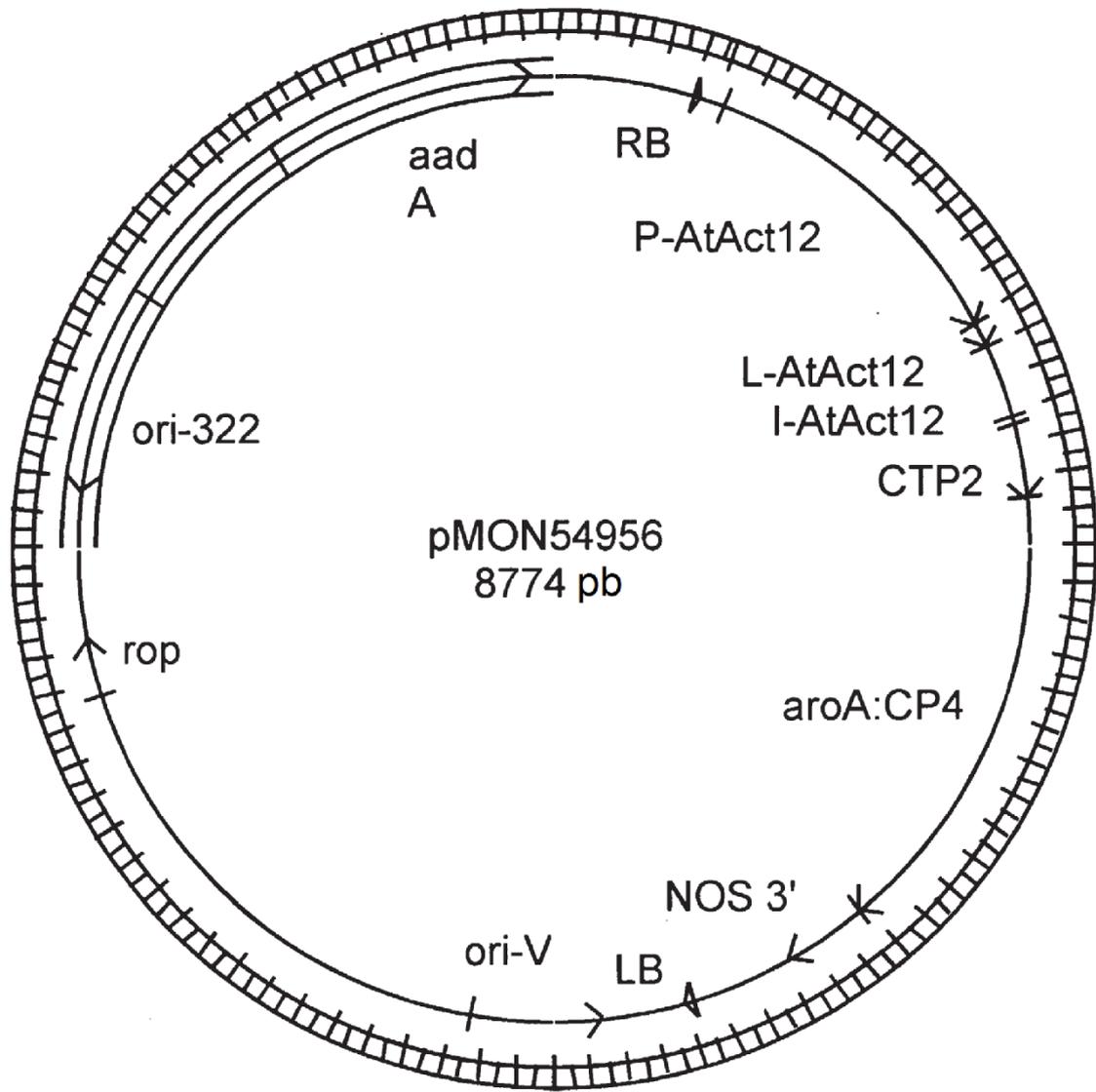


FIG. 18