

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 625 891**

51 Int. Cl.:

A01H 5/00 (2006.01)

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

A01N 25/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **12.02.2010 PCT/US2010/024139**

87 Fecha y número de publicación internacional: **19.08.2010 WO10093954**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **12.02.2010 E 10741826 (1)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **12.04.2017 EP 2395831**

54 Título: **Control de la tolerancia al estrés, eficiencia del uso de agua y expresión génica en plantas mediante el uso de nuevas proteínas receptoras de ABA y agonistas sintéticos**

30 Prioridad:

13.02.2009 US 207684 P

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

20.07.2017

73 Titular/es:

**THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF CALIFORNIA (100.0%)
1111 Franklin Street, 12th Floor
Oakland, CA 94607, US**

72 Inventor/es:

**CUTLER, SEAN R.;
PARK, SANG-YOUL y
DEFRIES, ANDREW**

74 Agente/Representante:

PONS ARIÑO, Ángel

ES 2 625 891 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

Control de la tolerancia al estrés, eficiencia del uso de agua y expresión génica en plantas mediante el uso de nuevas proteínas receptoras de ABA y agonistas sintéticos

5

Antecedentes de la invención

El ácido abscísico (ABA) ha sido objeto de una intensa investigación desde que se identificó en la década de los 60 del siglo pasado como inhibidor del crecimiento de moléculas pequeñas endógenas y regulador de la fisiología del estrés en plantas (Addicott, O. E. Smith, *Science* 142, 1592 (1963); C. F. Eagles, P. E. Wareing, "Physiologia Plantarum" 17, 697 (1964); J. W. Cornforth, B. V. Milborrow, G. Ryback, *Nature* 206, 715 (1965); J. W. Cornforth, B. V. Milborrow, G. Ryback, P. F. Wareing, *Nature* 205, 1269 (1965); D. Imber, M. Tal, *Science* 169 592 (1970)). De hecho, cuando se aumenta la sensibilidad hacia el ABA de la planta, se producen mejores resultados de tolerancia al estrés por sequía y a otros estreses. Véase, por ejemplo, *Plant J.* 43:413-424 (2005); Pei *et al.* *Science* 282:287-290 (1998); publicación de patente de EE.UU. n.º 2004/0010821. Los análisis genéticos han identificado muchos factores que participan en la señalización de ABA, incluyendo las fosfatasa de la proteína C tipo 2 (PP2C) ABI1, ABI2 y parientes que forman los clados ABI1/AHG1 estrechamente relacionados, que funcionan como reguladores negativos redundantes de la señalización de ABA (R. R. Finkelstein, S. S. L. Gampala, C. D. Rock, "The Plant Cell" 14, S15 (2002); P. McCourt, "Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology" 50, 219 (1999); A. Schweighofer, H. Hirt, I. Meskiene, "Trends in Plant Science" 9, 236 (2004)). Se ha informado de varias proteínas de unión a ABA, sin embargo, no está claro cómo regulan la miríada de efectos de ABA, porque no parecen actuar a través de reguladores conocidos de su vía de señalización (X. Liu *et al.*, *Science* 315, 1712 (23 de marzo de 2007); F. A. Razem, A. El-Kereamy, S. R. Abrams, R. D. Hill, *Nature* 439, 290 (2006); Y. Y. Shen *et al.*, *Nature* 443, 823 (Oct 19, 2006)). Además, los receptores caracterizados muestran una unión despreciable al estereoisómero no natural (-)-ABA **1** a concentraciones ~1.000 veces superiores a sus K_d por (+)-ABA **2**. (-)-ABA es bioactivo en la mayoría de los ensayos ABA (B.-L. Lin, H.-J. Wang, J.-S. Wang, L. I. Zaharia, S. R. Abrams, *Journal of Experimental Botany* 56, 2935 (2005); D. Huang *et al.*, *The Plant Journal* 50, 414 (2007)) y actúa a través de la misma vía de señalización que (+)-ABA (E. Nambara *et al.*, *Genetics* 161, 1247 (julio de 2002)), sugiriendo que los receptores que reconocen tanto a (-)-ABA como a (+)-ABA permanecen por descubrir. El documento JP 2007/222129 desvela el uso de genes que crean plantas que son resistentes al estrés por sequía.

30

Breve resumen de la invención

La presente invención proporciona plantas (o una célula vegetal, semilla, flor, hoja, fruto u otra parte de dichas plantas) que comprenden un casete de expresión heterólogo, comprendiendo el casete de expresión un promotor inducible o específico del tejido unido operativamente a un polinucleótido que codifica un polipéptido receptor de PYR/PYL, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL se caracteriza por la presencia de uno o ambos de entre un dominio 2 de poliquétido ciclasa (PF10604) o un dominio 1 de poliquétido ciclasa (PF03364), en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL comprende SEQ ID NO: 102 y en el que la planta tiene una mejor tolerancia a la sequía en comparación con una planta carente del casete de expresión. La presente invención también proporciona el uso de un casete de expresión que comprende un promotor inducible o específico del tejido unido operativamente a un polinucleótido que codifica un polipéptido receptor de PYR/PYL para mejorar la tolerancia a la sequía en una planta, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL se caracteriza por la presencia de uno o ambos de entre un dominio 2 de poliquétido ciclasa (PF10604) o un dominio 1 de poliquétido ciclasa (PF03364), y en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL comprende SEQ ID NO: 102.

45

En algunos aspectos de la divulgación, el polipéptido receptor de PYR/PYL comprende una o más de las SEQ ID NO: 1, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107 y/o 138.

En algunas realizaciones de la invención, el polipéptido receptor de PYR/PYL es al menos un 70 % (por ejemplo, al menos un 70 %, 80 %, 90 %, 95 %) idéntico a cualquiera de las SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 90. También se describen las SEQ ID NO: 2-90 o 108-137.

En algunas realizaciones, el polipéptido receptor de PYR/PYL es una forma constitutivamente activa, de manera que el receptor se unirá a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en ausencia de ácido abscísico o un agonista de ABA.

En algunas realizaciones, el polipéptido receptor de PYR/PYL se une a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en presencia, pero no en ausencia, de ácido abscísico o un agonista de ABA.

60

La planta tiene una mejor tolerancia a la sequía en comparación con una planta que carece del casete de expresión.

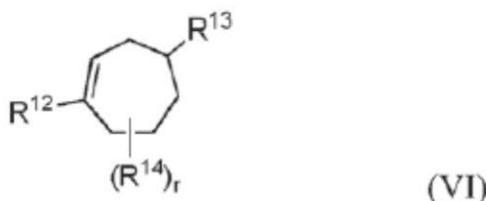
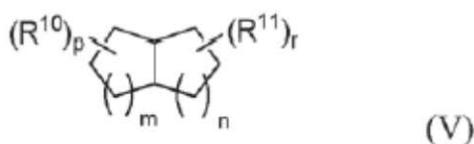
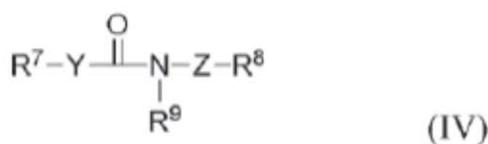
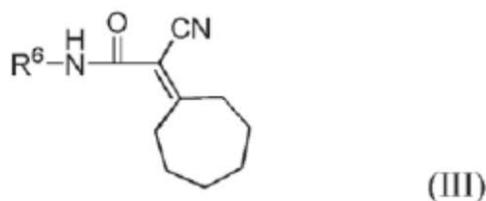
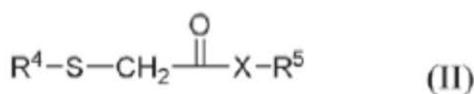
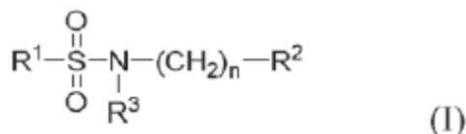
En algunos aspectos, el promotor es un promotor específico de la raíz.

65

En algunos aspectos, el promotor es específico de una parte aérea de la planta.

En algunas realizaciones, el promotor es inducible. En algunas realizaciones, el promotor es un promotor específico de células protectoras o un promotor inducible por la sequía.

5 La presente invención también proporciona métodos de aumento de la tolerancia a la sequía en una planta como se ha descrito anteriormente. En algunas realizaciones, el método comprende poner en contacto la planta con una cantidad suficiente de un compuesto para aumentar la tolerancia a la sequía en comparación con no poner en contacto la planta con el compuesto, en el que el compuesto se selecciona de las siguientes fórmulas:



10 en las que

15 R^1 se selecciona del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ; cada R^{1a} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C_{1-6} , haloalquilo C_{1-6} , alquenilo C_{2-6} , alquinilo C_{2-6} , alcoxi C_{1-6} , haloalcoxi C_{1-6} , hidroxialquilo C_{1-6} , $-\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{SR}'$, $-\text{OH}$, $-\text{CN}$, $-\text{NO}_2$, $-\text{C}(\text{O})\text{R}'$, $-\text{C}(\text{O})\text{OR}'$, $-\text{C}(\text{O})\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{R}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{OR}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{OP}(\text{O})(\text{OR}')_2$, $-\text{S}(\text{O})_2\text{OR}'$, $-\text{S}(\text{O})_2\text{NR}'\text{R}''$, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-\text{NO}_2$ y el grupo heteroarilo está opcionalmente sustituido con alquilo C_{1-6} ;

20 como alternativa, los grupos R^{1a} pueden combinarse para formar un miembro seleccionado del grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-\text{OH}$;

R' y R'' se seleccionan cada uno independientemente del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ;

R^2 se selecciona del grupo que consiste en alquenilo C_{2-6} , cicloalquenilo, arilo y heteroarilo;

R^3 es H o está opcionalmente combinado con R^2 y los átomos a los que está unido cada uno para formar un heterocicloalquilo opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^4 es un heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^5 se selecciona del grupo que consiste en alquilo C_{1-6} y arilo, en el que el arilo está opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 cada uno de R^6 y R^7 se selecciona independientemente del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^8 se selecciona del grupo que consiste en cicloalquilo y arilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^9 es H o está opcionalmente combinado con un grupo R^{1a} de R^8 y los átomos a los que cada uno está unido para formar un heterocicloalquilo;
 el subíndice n es 0-2;
 X está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -O- y -N(R')-;
 Y está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -C(O)- y -C(R',R'')-;
 Z está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -N= y -C(S)-N(R')-, de modo que uno de Y y Z está ausente;
 cada uno de R^{10} y R^{11} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, alquilo C_{1-6} , -C(O)OR' y alquénil C_{1-6} -C(O)OH, siendo al menos dos de los grupos R^{10} y R^{11} alquilo C_{1-6} y siendo al menos uno de los grupos R^{10} y R^{11} alquénil C_{1-6} -C(O)OH;
 como alternativa, dos grupos R^{10} o R^{11} unidos al mismo átomo de carbono se combinan para formar =O;
 como alternativa, un grupo R^{10} y un grupo R^{11} se combinan para formar un cicloalquilo que tiene de 3 a 6 miembros en el anillo;
 cada uno de los subíndices k y m es un número entero de 1 a 3, de modo que la suma de k y m es de 3 a 4;
 cada uno de los subíndices p y r es un número entero de 1 a 10;
 en las que dos de los grupos R^{10} y R^{11} sobre los átomos de carbono adyacentes se combinan para formar un enlace;
 R^{12} es un alquilo C_{1-6} , sustituido con un =O;
 R^{13} es alquénil C_{1-6} -C(O)OH;
 R^{14} se selecciona del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ; y
 el subíndice r es un número entero de 1 a 10;

con la condición de que cuando R^1 sea 4-bromo-naftalen-1-ilo y n sea 1, R^2 sea distinto de pirid-2-ilo sin sustituir.

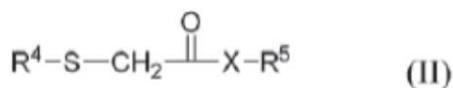
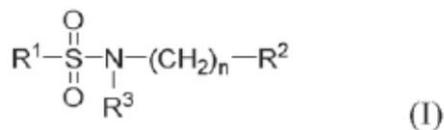
La presente invención también proporciona casetes de expresión según lo descrito anteriormente y vectores de expresión que comprenden los casetes de expresión.

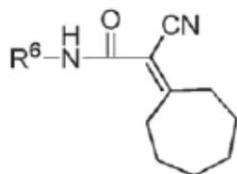
La presente invención también proporciona un método de fabricación de una planta con mayor tolerancia a la sequía, comprendiendo el método:

introducir el casete de expresión de la invención (por ejemplo, como se ha descrito anteriormente) en una pluralidad de plantas; y

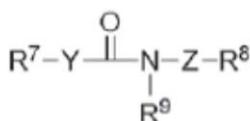
seleccionar una planta que comprende el casete de expresión que tiene mayor tolerancia a la sequía en comparación con una planta que carece del casete de expresión.

También se desvela una formulación química agrícola formulada para ponerse en contacto con plantas, comprendiendo la formulación un compuesto seleccionado entre las siguientes fórmulas:

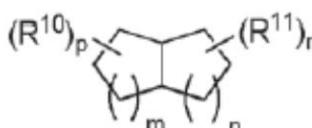




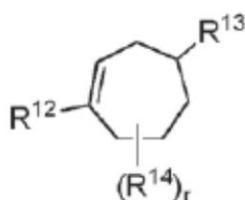
(III)



(IV)



(V)



(VI)

en las que

- 5
- R^1 se selecciona del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- cada R^{1a} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C_{1-6} , haloalquilo C_{1-6} , alquenilo C_{2-6} , alquinilo C_{2-6} , alcoxi C_{1-6} , haloalcoxi C_{1-6} , hidroxialquilo C_{1-6} , $-NR'R''$, $-SR'$, $-OH$, $-CN$, $-NO_2$, $-C(O)R'$, $-C(O)OR'$, $-C(O)NR'R''$, $-N(R')C(O)R''$, $-N(R')C(O)OR''$, $-N(R')C(O)NR'R''$, $-OP(O)(OR')_2$, $-S(O)_2OR'$, $-S(O)_2NR'R''$, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-NO_2$ y el grupo heteroarilo está opcionalmente sustituido con alquilo C_{1-6} ;
- 10 como alternativa, los grupos R^{1a} pueden combinarse para formar un miembro seleccionado del grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-OH$;
- 15 R' y R'' se seleccionan cada uno independientemente del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ;
- R^2 se selecciona del grupo que consiste en alquenilo C_{2-6} , cicloalquenilo, arilo y heteroarilo;
- R^3 es H o está opcionalmente combinado con R^2 y los átomos a los que está unido cada uno para formar un heterocicloalquilo opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- 20 R^4 es un heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- R^5 se selecciona del grupo que consiste en alquilo C_{1-6} y arilo, en el que el arilo está opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- cada uno de R^6 y R^7 se selecciona independientemente del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- 25 R^8 se selecciona del grupo que consiste en cicloalquilo y arilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- R^9 es H o está opcionalmente combinado con un grupo R^{1a} de R^8 y los átomos a los que cada uno está unido para formar un heterocicloalquilo;
- el subíndice n es 0-2;
- X está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-O-$ y $-N(R')$;
- 30 Y está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-C(O)-$ y $-C(R',R'')$;
- Z está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-N=$ y $-C(S)-N(R')$, de modo que uno de Y y Z está ausente;
- 35 cada uno de R^{10} y R^{11} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, alquilo C_{1-6} , $-C(O)OR'$ y alquenil $C_{1-6}-C(O)OH$, siendo al menos dos de los grupos R^{10} y R^{11} alquilo C_{1-6} y siendo al menos uno de los grupos R^{10} y R^{11} alquenil $C_{1-6}-C(O)OH$;

como alternativa, dos grupos R¹⁰ o R¹¹ unidos al mismo átomo de carbono se combinan para formar =O;
 como alternativa, un grupo R¹⁰ y un grupo R¹¹ se combinan para formar un cicloalquilo que tiene de 3 a 6 miembros en el anillo;
 cada uno de los subíndices k y m es un número entero de 1 a 3, de modo que la suma de k y m es de 3 a 4;
 cada uno de los subíndices p y r es un número entero de 1 a 10;
 en las que dos de los grupos R¹⁰ y R¹¹ sobre los átomos de carbono adyacentes se combinan para formar un enlace;
 R¹² es un alquilo C₁₋₆, sustituido con un =O;
 R¹³ es alquenil C₁₋₆-C(O)OH;
 R¹⁴ se selecciona del grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆; y
 el subíndice r es un número entero de 1 a 10;

con la condición de que cuando R¹ sea 4-bromo-naftalen-1-ilo y n sea 1, R² sea distinto de pirid-2-ilo sin sustituir.

En algunos aspectos, la formulación comprende además al menos uno de entre un herbicida, fungicida, pesticida o fertilizante. En algunos aspectos, la formulación comprende además un tensioactivo.

La presente divulgación también describe un método para aumentar la tolerancia al estrés en una planta, comprendiendo el método poner en contacto una planta con una cantidad suficiente de una formulación como se ha descrito anteriormente para aumentar la tolerancia al estrés en la planta en comparación con no poner en contacto la planta con el compuesto.

En algunos aspectos, la etapa de puesta en contacto comprende administrar la formulación a la planta por medio de aviones o irrigación.

También se desvela un método de identificación de un agente que es agonista de un polipéptido PYR/PYL. En algunos aspectos, el método comprende poner en contacto uno o más agentes con un polipéptido PYR/PYL; y determinar si uno o más agentes se unen a y/o activan el polipéptido receptor de PYR/PYL, en el que la unión o activación identifica el agente como un agonista del polipéptido PYR/PYL.

En algunos aspectos, la etapa de determinación comprende poner en contacto el agente con una célula que comprende un sistema de dos híbridos, de modo que los sistemas de dos híbridos detectan la interacción del polipéptido PYR/PYL con una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C), de modo que la interacción dependiente del agente del polipéptido PYR/PYL con la PP2C identifica el agente como un agonista del polipéptido PYR/PYL.

Breve descripción de las figuras

Figura 1. La pirabactina es un agonista de ABA selectivo de las semillas. (A) Estructuras de moléculas descritas en el presente estudio. (B) La actividad de la pirabactina es suprimida por *abil-1*. Se embebieron las semillas del genotipo mostradas en la parte superior en medio que contenía pirabactina 25 μ M y se puntuaron para la germinación 4 días después de la estratificación. En la parte inferior, se muestran los valores de CI₅₀ para el efecto de germinación de la pirabactina sobre los genotipos caracterizados. (C) Comparación de micromatrices de pirabactina y tratamientos con ABA en semillas. El eje Y representa el valor transformado log₂ para la respuesta de una sonda a la pirabactina 25 μ M (en relación con el control sin tratar), y el eje X, la respuesta de la sonda a ABA 1 μ M. Se representan los datos de los conjuntos de sonda que mostraron una capacidad de respuesta significativa a ABA o a pirabactina, después de eliminar las transcripciones sensibles a la germinación. (D) Comparación de micromatrices de cicloheximida y respuestas de ABA en semillas. Esta gráfica muestra la respuesta de los mismos conjuntos de sondas analizados en el panel C, pero las comparaciones son con los ARNm de semillas tratadas con cicloheximida (eje y). (E) Comparación de micromatrices de respuestas a la pirabactina y al ABA en plántulas. Se transfirieron las plántulas de siete días de vida a placas que contenían ABA 10 μ M o pirabactina 50 μ M durante 24 horas y después se perfilaron muestras de ARNm. La inserción en cada gráfico de dispersión es el coeficiente de correlación de Pearson para cada comparación. Los métodos detallados de micromatrices se describen en el apartado de Ejemplos.

Figura 2. PYR1 codifica una proteína de dominio START sensible a ABA. (A) Alelos de *Pyr1*. Se muestran los nombres de los alelos, los nombres de las cepas (entre paréntesis) y los cambios de aminoácidos causados por los alelos mutantes de *Pyr1* identificados mediante la detección de mutaciones resistentes a la pirabactina. (B) Representación pictográfica de los valores de expresión de *Pyr1* y *Pyl1-Pyl4* alojados en bases de datos públicas de micromatrices. El mapa de calor mostrado en la parte superior derecha es para los tres primeros paneles superiores, y el mapa de calor inferior, para los datos de las células protectoras. Las gráficas se realizaron usando el navegador eFP (D. Winter *et al.*, PLoS ONE 2, e718 (2007)). (C) 35S::GFP-PYR1 complementa *Pyr1-1*. Las semillas de los genotipos mostrados se estratificaron 4 días en pirabactina 25 μ M y luego germinaron a TA, HR del 90 % durante 3 días a oscuras. El tipo silvestre Columbia es incapaz de germinar en estas condiciones, pero *pyr1-1* sí lo hace, porque es resistente a la pirabactina. La introducción de una construcción 35S::GFP-PYR1 en el fondo genético de *pyr1-1* restablece la sensibilidad a la pirabactina, lo que indica que la proteína de fusión GFP es funcional. (D) Se requiere *Pyr/Pyl* para la expresión génica inducida por

ABA normal en plántulas. Se muestran los resultados de qRT-PCR para el gen RD29 que responde al ABA. L, Ler; C, Col; y Q, mutante cuádruple. (E) Los genes *Pyr/Pyl* son necesarios para la expresión génica inducida por el estrés inducida por ABA normal en plántulas. Se muestran los resultados de qRT-PCR para dos sondas taqman que responden al ABA, como se describe en el apartado de Ejemplos. L = Ler, C = Col, Q = mutante cuádruple.

Figura 3. ABA potencia la unión de PYR/PYL a PP2C. (A) Caracterización de las interacciones de la proteína PYR/PYL con HAB1. Se muestran las manchas de X-gal de las colonias de levadura cultivadas en placas que contienen los compuestos mostrados en la parte superior. Las anotaciones de la iniciativa del genoma de *Arabidopsis* (AGI) para cada gen PYR/PYL caracterizado se muestran a la derecha del panel. No se ensayaron PYL8 (AT5G53160) ni PYL13 (AT4G18620). Cada cepa ensayada expresa una proteína de fusión AD-HAB1 y la fusión BD se muestra a la izquierda. Los productos químicos se ensayaron a 10 μ M a excepción del epibrasinólido (50 nM). (B) Las proteínas mutantes PYR1 son defectuosas en sus interacciones con HAB1. Se ensayaron 3 mutantes de sustitución de aminoácidos PYR1 que muestran una fuerte insensibilidad a la pirabactina en las semillas de *Arabidopsis* para determinar sus interacciones con HAB1 en el Y2H. (C) PYR1 interacciona con ABI1 y ABI2, pero no con la proteína mutante codificada por *abi2-1*.

Figura 4. GFP-PYR1 se ubica en el citoplasma y en el nucleoplasma. Se muestran imágenes confocales de una construcción 35S:GFP-PYR1 en el fondo mutante *pyr1-1*. Esta construcción complementa el fenotipo de insensibilidad a la pirabactina del mutante *pyr1-1*.

Figura 5. *Pyr1* y *Pyl1, 2* y *4* funcionan redundantemente en la percepción a ABA. (A) Las respuestas a ABA en las líneas mutantes triple y cuádruple se alteran durante la germinación. Las semillas de los genotipos mostrados en la parte superior se estratificaron 4 días en medio que contenía (+)-ABA 0,9 μ M y luego se fotografiaron 3 días después de la germinación a oscuras. El hipocótilo corto observado en el mutante cuádruple cuando germina en (+)-ABA se debe a la presencia de la mutación *erecta* que está estrechamente ligada al alelo de inserción de *pyl2-1*. (B) Las respuestas a ABA en las líneas mutantes triple y cuádruple se alteran durante el crecimiento de las raíces. Las semillas de los genotipos mostrados en la parte superior se estratificaron 4 días y luego se transfirieron a oscuras (TA, HR del 90 %). Después de 30 horas, las semillas con aparición de radículas fueron transferidas a placas que contenían (+)-ABA 10 μ M y se fotografiaron sus raíces después de un crecimiento adicional de 3 días a oscuras.

Figura 6. PYR1 es un receptor de ABA que regula la actividad de PP2C. (A) Reconstitución de la percepción de ABA *in vitro*. Se realizaron ensayos desplegables usando GST-HAB1 y 6xHis-PYR1 (o mutantes) usando proteínas recombinantes purificadas (panel izquierdo). GST-ABI1 y ABI2 se ensayaron además en desplegables usando 6xHis-PYR1 purificado (o mutantes) y lisados en bruto que contenían las PP2C mostradas. Se (+)-ABA 10 μ M. (B) PYR1 inhibe la actividad de PP2C en presencia de ABA. La actividad de PP2C de GST-HAB1 se ensayó en presencia de PYR1 o PYR1^{P88S} a diferentes concentraciones de ABA usando el sustrato pNPP. (C) Inhibición dependiente de ABA/PYL4 de la actividad de PP2C HAB1. Se usaron PYL4 recombinante (replegado de cuerpos de inclusión) y HAB1 en ensayos de PP2C como se describe. Se midió la actividad para GST-HAB1 usando el sustrato de fosfatasa pNPP. Se calcularon las velocidades de reacción iniciales de la fosfatasa por triplicado, controlando las reacciones a lo largo del tiempo usando un lector de placas por triplicado y se usaron para calcular las actividades. El panel superior muestra la concentración total estudiada; el panel inferior muestra una región ampliada de las concentraciones inferiores ensayadas. La actividad específica del GST-HAB1 usado en estos experimentos fue de 452,4 \pm 12,3 μ mol/min/mg. Los puntos representados usan \pm DT como barras de error.

Figura 7. Modelo propuesto para el control de PYR/PYL de la señalización de ABA. Sin la intención de limitar el alcance de la invención, los presentes inventores proponen el siguiente modelo: en ausencia de ABA (izquierda), las proteínas PYR/PYL muestran una baja unión a PP2C, y por lo tanto, la actividad de PP2C es alta, lo que impide la fosforilación y activación de SnRK2 y factores cadena abajo (DF). En presencia de ABA, PYR/PYL se unen e inhiben PP2C. Esto permite la acumulación de factores fosforilados cadena abajo y respuestas de transcripción de ABA. La regulación de SnRK2 por PYR/PYL puede ser indirecta o puede implicar otros factores.

Figura 8. Actividad de agonistas de ABA de moléculas pequeñas. Esta figura resume los datos de la exploración de moléculas pequeñas para la actividad receptora de PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 y PYL4.

Figura 9. Valores de CI_{50} para algunos compuestos identificados en el ensayo de dos híbridos de levadura de PP2C. Los números de compuesto enumerados en la columna de la izquierda corresponden a compuestos identificados en el ensayo resumido en la Figura 9. El Compuesto 7653159 corresponde al Compuesto 7 de la Figura 9; el Compuesto 6655097 corresponde al Compuesto 6 de la Figura 9; y el Compuesto 7561035 corresponde al Compuesto 9 de la Figura 9. Para cada compuesto, se evaluó la capacidad del compuesto para agonizar la inhibición de PYR/PYL del HAB1 de PP2C usando un ensayo de fosfatasa con el sustrato de fosfatasa pNPP.

Figura 10. Tabla de fenotipos relacionados con ABA en la línea de sobreexpresión de PYL4. Se examinaron plantas de *Arabidopsis* de mutante cuádruple *pyr1;pyl2;pyl3;pyl4* y sobreexpresión de PYL4 para detectar los cambios en los rasgos asociados con la respuesta al estrés incluyendo el tiempo de floración, la estatura, el contenido de clorofila y el marchitamiento en relación con plantas de *Arabidopsis* de control. En el apartado de ejemplos, se proporcionan detalles completos para la construcción de las plantas mutantes.

Figura 11. Alineación de PYR1 y homólogos de *Arabidopsis*. La presente figura proporciona una alineación de secuencias de proteínas PYR/PYL de *Arabidopsis*. La alineación muestra, por ejemplo, aminoácidos absolutamente conservados así como aminoácidos en posiciones que normalmente están conservados. Las secuencias de la figura incluyen los siguientes polipéptidos PYR/PYL: PYL12 (SEQ ID NO: 77), PYL8 (SEQ ID NO: 78), PYL7 (SEQ ID NO: 79), PYL9 (SEQ ID NO: 80), PYL11 (SEQ ID NO: 81) PYL10 (SEQ ID NO: 82), PYL13 (SEQ ID NO: 83), PYL5 (SEQ ID NO: 84), PYL4 (SEQ ID NO: 85), PYL6 (SEQ ID NO: 86), PYL2 (SEQ ID NO: 87), PYL3 (SEQ ID NO: 88), PYR1 (SEQ ID NO: 89) y PYL1 (SEQ ID NO: 90). Las secuencias de consenso derivadas de miembros especificados se exponen debajo de la alineación. ALL_Con = SEQ ID NO: 93-95; 1_12_Con = SEQ ID NO: 96-99; L_6_Con = SEQ ID NO: 100, 139 y 102; 7_10_Con = SEQ ID NO: 103 y 140; 11_13_Con = SEQ ID NO: 106 y 107.

Figura 12. Actividad de agonistas de ABA adicionales. Los compuestos enumerados incluyen el compuesto vegetal de origen natural ácido artemisínico, así como análogos de los mismos.

Definiciones

El término "promotor", como se usa en el presente documento, se refiere a una secuencia polinucleotídica capaz de activar la transcripción de una secuencia codificante en una célula. Por lo tanto, los promotores usados en las construcciones de polinucleótidos de la invención incluyen elementos de control de la transcripción que actúan en *cis* y secuencias reguladoras que participan en la regulación o modulación de la temporización y/o velocidad de transcripción de un gen. Por ejemplo, un promotor puede ser un elemento de control de la transcripción que actúa en *cis*, incluyendo un potenciador, un promotor, un terminador de la transcripción, un origen de replicación, una secuencia de integración cromosómica, regiones no traducidas 5' y 3' o una secuencia intrónica, que participan en la regulación de la transcripción. Estas secuencias que actúan en *cis* normalmente interactúan con proteínas u otras biomoléculas para llevar a cabo (activar/desactivar, regular, modular, etc.) la transcripción de genes. Un "promotor vegetal" es un promotor capaz de iniciar la transcripción en células vegetales. Un "promotor constitutivo" es aquel que es capaz de iniciar la transcripción en casi todos los tipos de tejido, mientras que un "promotor específico del tejido" inicia la transcripción solo en uno o en algunos tipos de determinados tejidos.

El término "planta" incluye las plantas enteras, los órganos y/o estructuras vegetativas de los brotes (por ejemplo, hojas, tallos y tubérculos), las raíces, las flores y los órganos florales (por ejemplo, brácteas, sépalos, pétalos, estambres, carpelos, anteras), óvulos (incluyendo células de huevo y centrales), semillas (incluyendo cigoto, embrión, endosperma y capa de semilla), fruto (por ejemplo, el ovario maduro), plántulas, tejido vegetal (por ejemplo, tejido vascular, tejido triturado y similares), células (por ejemplo células protectoras, células de huevo, tricomas y similares) y su progenie. En general, la clase de plantas que se puede usar en el método de la invención es tan amplia como la clase de plantas superiores e inferiores susceptibles de técnicas de transformación, incluyendo angiospermas (plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas), gimnospermas, helechos y algas multicelulares. Incluye plantas de una variedad de niveles de ploidía, incluyendo aneuploides, poliploides, diploides, haploides y hemigigóticas.

Una secuencia polinucleotídica es "heteróloga" a un organismo o una segunda secuencia polinucleotídica si se origina a partir de una especie foránea o, si procede de la misma especie, si está modificada con respecto a su forma original. Por ejemplo, cuando se dice que un promotor está unido operativamente a una secuencia codificante heteróloga, significa que la secuencia codificante deriva de una especie mientras que la secuencia promotora deriva otra especie diferente; o, si ambas derivan de la misma especie, la secuencia codificante no está asociada de forma natural con el promotor (por ejemplo, es una secuencia codificante modificada genéticamente, por ejemplo, de un gen diferente de la misma especie o un alelo de un ecotipo o variedad diferente).

Un polinucleótido "exógeno" para una planta individual es un polinucleótido que se introduce en la planta por cualquier medio distinto de un cruce sexual. A continuación, se describen ejemplos de medios mediante los cuales esto se puede realizar, e incluyen la transformación mediada por *Agrobacterium*, métodos biolísticos, electroporación, y similares. Dicha planta que contiene el ácido nucleico exógeno se denomina en el presente documento una planta transgénica de generación T₁ (por ejemplo, en *Arabidopsis* por infiltración al vacío) o R₀ (para plantas regeneradas a partir de células transformadas *in vitro*).

Como se usa en el presente documento, el término "transgénico" describe una planta no natural que contiene un genoma modificado por el hombre, en el que la planta incluye en su genoma una molécula de ácido nucleico exógena, que puede derivarse de la misma o diferente especie vegetal. La molécula de ácido nucleico exógena puede ser un elemento regulador del gen tal como un promotor, potenciador u otro elemento regulador, o puede contener una secuencia codificante, que puede estar enlazada a un elemento regulador del gen heterólogo. Las

plantas transgénicas que surgen del cruce sexual o por autofecundación son descendientes de dicha planta, y también se consideran "transgénicas".

Un "casete de expresión" se refiere a una construcción de ácido nucleico que, cuando se introduce en una célula hospedadora, produce la transcripción y/o traducción de un ARN o polipéptido, respectivamente. Las construcciones antisentido o sentido que no son o no se pueden traducir se incluyen expresamente en la presente definición. En el caso tanto de la expresión de transgenes como de la supresión de genes endógenos (por ejemplo, mediante supresión antisentido o sentido), un experto reconocerá que la secuencia polinucleotídica insertada no necesita ser idéntica, sino que puede ser solo "esencialmente idéntica" a una secuencia del gen del que se derivó. Como se explica más adelante, estas variantes esencialmente idénticas se cubren específicamente haciendo referencia a una secuencia de ácido nucleico específica.

La expresión o actividad "aumentada" o "mejorada" de PYR/PYL se refiere a un cambio aumentado en la expresión o actividad de la proteína. Los ejemplos de dicha actividad o expresión aumentada incluyen, por ejemplo, cuando la expresión de PYR/PYL se aumenta por encima de los niveles de control y/o donde se expresa ectópicamente, por ejemplo, en un lugar o un momento en el que no se expresa en un control. En algunas realizaciones, la expresión o actividad de PYR/PYL se aumenta por encima del nivel de las plantas de control no transgénicas de tipo silvestre (es decir, la cantidad de actividad o expresión de PYR/PYL del gen PYR/PYL se aumenta). En algunas realizaciones, la expresión o actividad de PYR/PYL puede estar presente, por ejemplo, en un órgano, tejido o célula, donde normalmente no se detecte en plantas de control no transgénicas de tipo silvestre (es decir, la expresión o actividad de PYR/PYL se aumenta dentro de ciertos tipos de tejidos). En algunas realizaciones, la expresión o actividad de PYR/PYL aumenta cuando su expresión o actividad está presente en un órgano, tejido o célula durante un período más largo que en un control no transgénico de tipo silvestre (es decir, la duración de la expresión o la actividad de PYR/PYL se aumenta).

Se dice que dos secuencias de ácido nucleico o polipéptidos son "idénticos" si la secuencia de nucleótidos o restos de aminoácidos, respectivamente, en las dos secuencias es la misma cuando está alineada para correspondencia máxima como se describe a continuación. Los términos "idéntico" o porcentaje de "identidad", en el contexto de dos o más ácidos nucleicos o secuencias de polipéptidos, se refieren a dos o más secuencias o subsecuencias que son iguales o que tienen un porcentaje especificado de restos de aminoácidos o nucleótidos que son iguales, cuando se comparan y se alinean para la correspondencia máxima sobre una ventana de comparación, medida mediante uno de los siguientes algoritmos de comparación de secuencias o por alineación manual e inspección visual. Cuando se usa el porcentaje de identidad de secuencia con referencia a proteínas o péptidos, se reconoce que las posiciones de los restos que no son idénticas suelen diferir en sustituciones conservativas de aminoácidos, en las que los restos de aminoácidos se sustituyen por otros restos de aminoácidos con propiedades químicas similares (por ejemplo, carga o hidrofobicidad) y, por lo tanto, no cambian las propiedades funcionales de la molécula. Cuando las secuencias difieren en sustituciones conservativas, el porcentaje de identidad de secuencia puede ajustarse hacia arriba para corregir la naturaleza conservativa de la sustitución. Los medios para realizar este ajuste son bien conocidos por los expertos en la materia. Por lo general, esto implica puntuar una sustitución conservativa como un desapareamiento parcial en lugar de completo, aumentando así el porcentaje de identidad de secuencia. Así pues, por ejemplo, cuando un aminoácido idéntico recibe una puntuación de 1 y una sustitución no conservativa recibe una puntuación de cero, una sustitución conservativa recibe una puntuación entre cero y 1. La puntuación de las sustituciones conservativas se calcula de acuerdo con, por ejemplo, el algoritmo de Meyers y Miller, *Computer Applic. Biol. Sci.* 4:11-17 (1988), por ejemplo, como se implementa en el programa PC/GENE (Intelligenetics, Mountain View, California, EE.UU.).

La expresión "esencialmente idénticas", usada en el contexto de dos ácidos nucleicos o polipéptidos, se refiere a una secuencia que tiene al menos un 25 % de identidad de secuencia con una secuencia de referencia. Como alternativa, el porcentaje de identidad puede ser cualquier número entero del 25 % al 100 %. Algunas realizaciones incluyen al menos: 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o 99 %, en comparación con una secuencia de referencia usando los programas descritos en el presente documento; preferentemente BLAST usando parámetros convencionales, como se describe a continuación. La presente divulgación proporciona ácidos nucleicos que codifican polipéptidos que son esencialmente idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO: 2-90 o 108-137.

Para la comparación de secuencias, normalmente una secuencia actúa como secuencia de referencia con la que se comparan las secuencias de ensayo. Cuando se usa un algoritmo de comparación de secuencias, las secuencias de ensayo y de referencia se introducen en un ordenador, se designan coordenadas de subsecuencia, si es necesario, y se designan parámetros de programa de algoritmo de secuencia. Se pueden usar los parámetros de programa por defecto o se pueden designar parámetros alternativos. El algoritmo de comparación de secuencias luego calcula el porcentaje de identidad de secuencia para las secuencias de ensayo relativas a la secuencia de referencia, basándose en los parámetros del programa.

Una "ventana de comparación", como se usa en el presente documento, incluye la referencia a un segmento de uno cualquiera del número de posiciones contiguas seleccionadas del grupo que consiste en 20 a 600, normalmente de aproximadamente 50 a aproximadamente 200, más normalmente de aproximadamente 100 a aproximadamente 150

en las que se puede comparar una secuencia con una secuencia de referencia del mismo número de posiciones contiguas después de que las dos secuencias estén alineadas óptimamente. Los métodos de alineación de secuencias para la comparación son bien conocidos en la materia. La alineación óptima de secuencias para la comparación puede realizarse, por ejemplo, mediante el algoritmo de homología local de Smith & Waterman, *Adv. Appl. Math.* 2:482 (1981), mediante el algoritmo de alineación de homología de Needleman y Wunsch, *J. Mol. Biol.* 48:443 (1970), mediante la búsqueda del método de similitud de Pearson y Lipman, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. EE.UU.* 85:2444 (1988), mediante implementaciones computarizadas de estos algoritmos (GAP, BESTFIT, FASTA y TFASTA en Wisconsin Genetics. Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI) o mediante alineación manual e inspección visual.

Los ejemplos de algoritmos que son adecuados para determinar el porcentaje de identidad de secuencia y la similitud de secuencia son los algoritmos BLAST y BLAST 2.0, que se describen en Altschul *et al.* (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 403-410 y Altschul *et al.* (1977) *Nucleic Acids Res.* 25: 3389-3402, respectivamente. El software para realizar el análisis BLAST está disponible públicamente a través del sitio web del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI). El algoritmo implica identificar primero pares de secuencias de alta puntuación (HSP) mediante la identificación de palabras cortas de longitud W en la secuencia de consulta, que coincidan o satisfagan alguna puntuación umbral de valor positivo T cuando se alineen con una palabra de la misma longitud en una secuencia de base de datos. T se conoce como el umbral de puntuación de la palabra vecindario (Altschul *et al.*, *supra*). Estos aciertos iniciales de la palabra vecindario actúan como semillas para comenzar las búsquedas para encontrar HSP más largos que los contienen. Los aciertos de palabra se extienden entonces en ambas direcciones a lo largo de cada secuencia, en la medida en que la puntuación de alineación acumulativa pueda aumentarse. Las puntuaciones acumulativas se calculan usando, para las secuencias de nucleótidos, los parámetros M (puntuación de recompensa para un par de restos coincidentes, siempre > 0) y N (puntuación de penalización para los restos que no coinciden, siempre < 0). Para las secuencias de aminoácidos, se usa una matriz de puntuación para calcular la puntuación acumulada. La extensión de los aciertos de palabra en cada dirección se detiene cuando: la puntuación de alineación acumulada disminuye por la cantidad X de su valor máximo alcanzado; la puntuación acumulada va a cero o por debajo, debido a la acumulación de una o más alineaciones de restos de puntuación negativa; o se alcanza el final de cada secuencia. Los parámetros del algoritmo BLAST W , T y X determinan la sensibilidad y la velocidad de la alineación. El programa BLASTN (para secuencias de nucleótidos) usa por defecto un tamaño de palabra (W) de 28, una expectativa (E) de 10, $M = 1$, $N = -2$, y una comparación de ambas cadenas. Para secuencias de aminoácidos, el programa BLASTP usa por defecto un tamaño de palabra (W) de 3, una expectativa (E) de 10 y la matriz de puntuación BLOSUM62 (véase Henikoff y Henikoff, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. EE.UU.* 89:10915 (1989)).

El algoritmo BLAST también realiza un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias (véase, por ejemplo, Karlin y Altschul, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. EE.UU.* 90:5873-5787 (1993)). Una medida de similitud proporcionada por el algoritmo BLAST es la probabilidad de suma más pequeña ($P(N)$), que proporciona una indicación de la probabilidad de que una coincidencia entre dos secuencias de nucleótidos o de aminoácidos se produzca por casualidad. Por ejemplo, un ácido nucleico se considera similar a una secuencia de referencia si la probabilidad de suma más pequeña en una comparación del ácido nucleico de ensayo con el ácido nucleico de referencia es inferior a aproximadamente 0,01, más preferentemente inferior a aproximadamente 10^{-5} y lo más preferentemente inferior a aproximadamente 10^{-20} .

La expresión "variantes modificadas conservativamente" se aplica tanto a las secuencias de aminoácidos como de ácido nucleico. Con respecto a secuencias de ácido nucleico particulares, las variantes modificadas conservativamente se refieren a aquellos ácidos nucleicos que codifican secuencias de aminoácidos idénticas o esencialmente idénticas, o donde el ácido nucleico no codifica una secuencia de aminoácidos, a secuencias esencialmente idénticas. Debido a la degeneración del código genético, un gran número de ácidos nucleicos funcionalmente idénticos codifican cualquier proteína dada. Por ejemplo, los codones GCA, GCC, GCG y GCU todos codifican el aminoácido alanina. Por lo tanto, en cada posición en la que una alanina está especificada por un codón, el codón puede ser modificado a cualquiera de los codones correspondientes descritos sin alterar el polipéptido codificado. Dichas variaciones de ácido nucleico son "variaciones silenciosas", que son una especie de variaciones moderadamente modificadas. Cada secuencia de ácido nucleico del presente documento que codifica un polipéptido también describe cada posible variación silenciosa del ácido nucleico. Un experto reconocerá que cada codón de un ácido nucleico (excepto AUG, que habitualmente es el único codón para la metionina) se puede modificar para producir una molécula funcionalmente idéntica. Por consiguiente, cada variación silenciosa de un ácido nucleico que codifica un polipéptido está implícita en cada secuencia descrita.

En cuanto a las secuencias de aminoácidos, un experto reconocerá que las sustituciones individuales, en una secuencia de ácido nucleico, péptido, polipéptido o proteína que alteran un único aminoácido o un pequeño porcentaje de aminoácidos en la secuencia codificada es una "variante modificada conservativamente" donde la alteración genera la sustitución de un aminoácido por un aminoácido químicamente similar. Las tablas de sustitución conservativas que proporcionan aminoácidos funcionalmente similares son bien conocidas en la técnica.

Los seis siguientes grupos contienen cada uno aminoácidos que son sustituciones conservativas entre sí:

- 1) Alanina (A), Serina (S), Treonina (T);
 2) Ácido aspártico (D), Ácido glutámico (E);
 3) Asparagina (N), Glutamina (Q);
 4) Arginina (R), Lisina (K);
 5) Isoleucina (I), Leucina (L), Metionina (M), Valina (V); y
 6) Fenilalanina (F), Tirosina (Y), Triptófano (W). (Véase, por ejemplo, Creighton, Proteins (1984)).

Como se usa en el presente documento, la expresión "resistencia a la sequía" o "tolerancia a la sequía", incluyendo cualquiera de sus variaciones, se refiere a la capacidad de una planta para recuperarse de períodos de estrés por sequía (es decir, de poca o nada de agua durante un período de días). Por lo general, el estrés por sequía será de al menos 5 días y puede ser, por ejemplo, de 18 a 20 días o más (por ejemplo, de al menos 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 días), dependiendo, por ejemplo, de la especie vegetal.

Descripción detallada de la invención

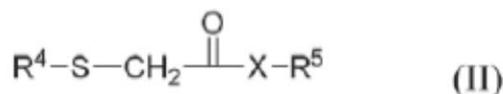
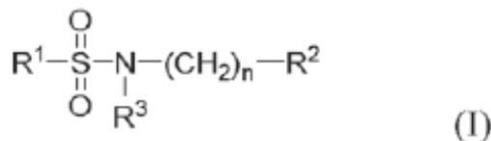
I. Introducción

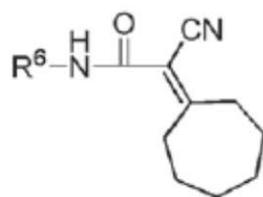
La presente invención se basa, en parte, en el descubrimiento de pequeñas moléculas orgánicas selectivas agonistas del ácido abscísico (ABA), así como de una proteína, PYR1, que se requiere para la actividad agonista hacia ABA. Se ha descubierto además que PYR1 es un miembro de la familia de proteínas receptoras PYR/PYL. Las plantas examinadas hasta la fecha expresan más de un miembro de la familia de proteínas receptoras PYR/PYL y tienen al menos algo de actividad redundante. Por lo tanto, el aumento de la expresión o de la actividad de una o más proteínas PYR/PYL en una planta producirá un aumento de la sensibilidad a ABA y, por consiguiente, una mejor respuesta y tolerancia al estrés (por ejemplo, frío, calor, salinidad o sequía), así como otros fenotipos mediados por ABA deseados.

El ácido abscísico es una fitohormona multifuncional implicada en una variedad de funciones fitoprotectoras, incluyendo la latencia de los brotes, la latencia y/o maduración de las semillas, la ausencia de hojas y frutos y la respuesta a una gran variedad de estreses biológicos (por ejemplo, frío, calor, salinidad y sequía). El ABA también es responsable de regular el cierre estomatal mediante un mecanismo independiente de la concentración de CO₂. Por lo tanto, debido a que las proteínas receptoras de ABA PYR/PYL median la señalización de ABA, estos fenotipos pueden modularse modulando la expresión de PYR/PYL. Los fenotipos inducidos por ABA pueden aumentarse o acelerarse en plantas con un aumento de la expresión de PYR/PYL, mientras que dichos fenotipos pueden reducirse o ralentizarse en plantas con una reducción de la expresión de PYR/PYL. PYR/PYL media la señalización de ABA como un regulador positivo en, por ejemplo, la germinación de la semilla, el crecimiento posterior a la germinación, el movimiento estomático y la tolerancia de las plantas al estrés incluyendo, pero sin limitación, la sequía. Por consiguiente, cuando se aumenta la sensibilidad hacia el ácido abscísico mediante la sobreexpresión de PYR/PYL, se consiguen características deseables en plantas tales como una mayor tolerancia al estrés (por ejemplo, a la sequía) y un retardo de la germinación de las semillas. Otras características deseables que se pueden generar en las plantas de la presente divulgación incluyen, por ejemplo, un cambio en el tiempo de floración y/o un mayor contenido de clorofila.

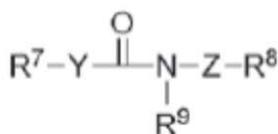
II. Agonistas de ABA

La presente invención proporciona el uso de agonistas de ABA de molécula pequeña, es decir, compuestos que activan proteínas PYR/PYL. Los ejemplos de agonistas de ABA incluyen, por ejemplo, un compuesto seleccionado entre las siguientes fórmulas:

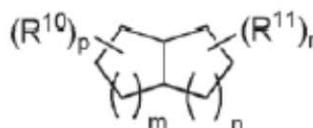




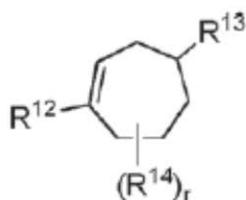
(III)



(IV)



(V)



(VI)

en las que

- 5 R^1 se selecciona del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 cada R^{1a} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C_{1-6} , haloalquilo C_{1-6} ,
 alquenilo C_{2-6} , alquinilo C_{2-6} , alcoxi C_{1-6} , haloalcoxi C_{1-6} , hidroxialquilo C_{1-6} , $-NR'R''$, $-SR'$, $-OH$, $-CN$, $-NO_2$,
 $-C(O)R'$, $-C(O)OR'$, $-C(O)NR'R''$, $-N(R')C(O)R''$, $-N(R')C(O)OR''$, $-N(R')C(O)NR'R''$, $-OP(O)(OR')_2$, $-S(O)_2OR'$,
 $-S(O)_2NR'R''$, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente
 10 sustituido con $-NO_2$ y el grupo heteroarilo está opcionalmente sustituido con alquilo C_{1-6} ;
 como alternativa, los grupos R^{1a} pueden combinarse para formar un miembro seleccionado del grupo que
 consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente
 sustituido con $-OH$;
 R' y R'' se seleccionan cada uno independientemente del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ;
 R^2 se selecciona del grupo que consiste en alquenilo C_{2-6} , cicloalquenilo, arilo y heteroarilo;
 15 R^3 es H o está opcionalmente combinado con R^2 y los átomos a los que está unido cada uno para formar un
 heterocicloalquilo opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^4 es un heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^5 se selecciona del grupo que consiste en alquilo C_{1-6} y arilo, en el que el arilo está opcionalmente sustituido
 con 1-3 grupos R^{1a} ;
 20 cada uno de R^6 y R^7 se selecciona independientemente del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno
 opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
 R^8 se selecciona del grupo que consiste en cicloalquilo y arilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos
 R^{1a} ;
 R^9 es H o está opcionalmente combinado con un grupo R^{1a} de R^8 y los átomos a los que cada uno está unido
 25 para formar un heterocicloalquilo;
 el subíndice n es 0-2;
 X está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-O-$ y $-N(R')-$;
 Y está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-C(O)-$ y $-C(R',R'')$;
 Z está ausente o se selecciona del grupo que consiste en $-N=$ y $-C(S)-N(R')$ -, de modo que uno de Y y Z está
 30 ausente;
 cada uno de R^{10} y R^{11} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, alquilo C_{1-6} , $-C(O)OR'$ y

alquenil C₁₋₆-C(O)OH, siendo al menos dos de los grupos R¹⁰ y R¹¹ alquilo C₁₋₆ y siendo al menos uno de los grupos R¹⁰ y R¹¹ alquenil C₁₋₆-C(O)OH;

como alternativa, dos grupos R¹⁰ o R¹¹ unidos al mismo átomo de carbono se combinan para formar =O;

como alternativa, un grupo R¹⁰ y un grupo R¹¹ se combinan para formar un cicloalquilo que tiene de 3 a 6 miembros en el anillo;

cada uno de los subíndices k y m es un número entero de 1 a 3, de modo que la suma de k y m es de 3 a 4;

cada uno de los subíndices p y r es un número entero de 1 a 10;

en las que dos de los grupos R¹⁰ y R¹¹ sobre los átomos de carbono adyacentes se combinan para formar un enlace;

R¹² es un alquilo C₁₋₆, sustituido con un =O;

R¹³ es alquenil C₁₋₆-C(O)OH;

R¹⁴ se selecciona del grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆; y

el subíndice r es un número entero de 1 a 10;

con la condición de que cuando R¹ sea 4-bromo-naftalen-1-ilo y n sea 1, R² sea distinto de pirid-2-ilo sin sustituir.

Los compuestos ilustrativos se representan además en los ejemplos y en las Figuras. Véanse, por ejemplo, las Figuras 9, 10 y 13.

Los compuestos agonistas de ABA se pueden preparar mediante una variedad de métodos conocidos por un experto en la materia. Por ejemplo, los compuestos de sulfonamida pueden prepararse mediante la reacción de un cloruro de sulfonilo y una amina para proporcionar la sulfonamida. Los compuestos de amida se pueden preparar de una manera similar usando un cloruro de ácido en lugar del cloruro de sulfonilo o reactivos de acoplamiento de carbodiimida conocidos por un experto en la materia. Los expertos en la materia conocen métodos adicionales de fabricación de los compuestos, por ejemplo, los descritos en "Comprehensive Organic Transformations", 2ª edición, Richard C. Larock, 1999. Los materiales de partida para los métodos descritos anteriormente se encuentran disponibles en el mercado (Sigma-Aldrich) o pueden prepararse mediante métodos conocidos por un experto en la materia.

Los fenotipos que son inducidos por ABA pueden aumentarse o acelerarse en plantas (o partes de plantas tales como las semillas) poniendo en contacto las plantas con una cantidad suficiente de un agonista de ABA de la invención para inducir los fenotipos inducibles por ABA. Los agonistas de ABA de la divulgación son útiles como, por ejemplo, potenciadores positivos de, por ejemplo, la germinación tardía de las semillas, el crecimiento posterior a la germinación, el movimiento estomático y la tolerancia de las plantas al estrés incluyendo, pero sin limitación, la sequía.

III. Formulaciones agonistas de ABA

La presente divulgación proporciona una formulación química agrícola formulada para ponerse en contacto con plantas, en la que la formulación comprende un agonista de ABA de la presente divulgación. En algunos aspectos de la divulgación, las plantas que se ponen en contacto con los agonistas no comprenden ni expresan un polipéptido PYR/PYL heterólogo (por ejemplo, las plantas no son transgénicas o son transgénicas pero expresan proteínas heterólogas distintas de las proteínas PYR/PYL heterólogas). En algunas realizaciones, las plantas que están en contacto con los agonistas comprenden o expresan un polipéptido PYR/PYL heterólogo como se describe en el presente documento.

Las formulaciones pueden ser adecuadas para el tratamiento de plantas o material de propagación vegetal, tal como semillas, de acuerdo con la presente divulgación, por ejemplo, en un vehículo. Los aditivos adecuados incluyen agentes de tamponamiento, agentes humectantes, agentes de recubrimiento, polisacáridos y agentes abrasivos. Los ejemplos de vehículos incluyen agua, soluciones acuosas, suspensiones, sólidos y polvos secos (por ejemplo, turba, trigo, salvado, vermiculita, arcilla, suelo pasteurizado, muchas formas de carbonato de calcio, dolomita, diversos grados de yeso, bentonita y otros minerales arcillosos, fosfatos de rocas y otros compuestos de fósforo, dióxido de titanio, humus, talco, alginato y carbón activado. Cualquier vehículo adecuado para la agricultura, conocido por los expertos en la materia, sería aceptable y se contempla para su uso en la presente divulgación. Opcionalmente, las formulaciones también pueden incluir al menos un tensioactivo, herbicida, fungicida, pesticida o fertilizante.

El tratamiento se puede realizar usando una variedad de métodos conocidos, por ejemplo, pulverizando, atomizando, espolvoreando o dispersando las composiciones sobre el material de propagación, o cepillando o vertiendo o poniendo en contacto de otra manera las composiciones sobre la planta o, en el caso de la semilla, recubriendo, encapsulando o tratando de otro modo la semilla. En una alternativa al tratamiento directo de una planta o semilla antes de la siembra, las formulaciones de la divulgación también se pueden introducir en el suelo o en otros medios en los que se va a plantar la semilla. En algunos aspectos, también se usa un vehículo en este aspecto. El vehículo puede ser sólido o líquido, como se ha indicado anteriormente. En algunos aspectos, se suspende turba en agua como un vehículo del agonista de ABA, y se pulveriza esta mezcla en el suelo o en los medios de siembra y/o sobre la semilla a medida que se siembra.

IV. Detección de nuevos agonistas y antagonistas de ABA

La presente divulgación también proporciona métodos de detección para agonistas y antagonistas de ABA mediante la detección de la capacidad de una molécula para inducir la unión de PYR/PYL-PP2C en el caso de los agonistas o para interrumpir la capacidad de ABA y de otros agonistas para potenciar la unión de PYR/PYL-PP2C en el caso de los antagonistas. Se puede utilizar un número de diferentes protocolos de detección para identificar agentes que agonicen o antagonicen un polipéptido PYR/PYL.

La detección puede tener lugar usando reactivos aislados, purificados o parcialmente purificados. En algunos aspectos, se puede usar polipéptido PYR/PYL purificado o parcialmente purificado.

Como alternativa, se pueden usar métodos de detección basados en células. Por ejemplo, se pueden usar células que expresan de forma natural un polipéptido PYR/PYL o que expresan de forma recombinante un polipéptido PYR/PYL. En algunos aspectos, las células usadas son células vegetales, células animales, células bacterianas, células fúngicas, incluyendo, pero sin limitación, células de levadura, células de insecto o células de mamífero. En términos generales, los métodos de detección implican la detección de una pluralidad de agentes para identificar un agente que module la actividad de un polipéptido PYR/PYL mediante, por ejemplo, la unión a un polipéptido PYR/PYL o la activación de un polipéptido PYR/PYL o el aumento de la expresión de un polipéptido PYR/PYL, o una transcripción que codifique un polipéptido PYR/PYL.

1. Ensayos de unión de polipéptido PYR/PYL

Opcionalmente, se pueden realizar exploraciones preliminares mediante la detección de agentes capaces de unirse a un polipéptido PYR/PYL, pues al menos algunos de los agentes así identificados son probablemente moduladores de polipéptidos PYR/PYL.

Los ensayos de unión pueden implicar poner en contacto un polipéptido PYR/PYL con uno o más agentes de ensayo y dejar suficiente tiempo para que la proteína y los agentes de ensayo formen un complejo de unión. Se puede detectar cualquier complejo de unión formado usando cualquiera de una serie de técnicas analíticas establecidas. Los ensayos de unión a proteínas incluyen, pero sin limitación, métodos que miden la precipitación o migración conjuntas sobre geles de SDS-poliacrilamida no desnaturalizantes y la migración conjunta sobre transferencias de Western (véase, por ejemplo, Bennet, J. P. y Yamamura, H. I. (1985) "Neurotransmitter, Hormone or Drug Receptor Binding Methods" en *Neurotransmitter Receptor Binding* (Yamamura, H. I., *et al.*, eds.), pág. 61-89. Otros ensayos de unión implican el uso de espectrometría de masas o técnicas de RMN para identificar moléculas unidas al polipéptido PYR/PYL o el desplazamiento de sustratos marcados (por ejemplo, ABA marcado). La proteína del polipéptido PYR/PYL usada en dichos ensayos se puede expresar de forma natural, clonar o sintetizar.

2. Actividad

Los agonistas de los polipéptidos PYR/PYL se pueden identificar detectando los agentes que activan o aumentan la actividad de un polipéptido PYR/PYL. Los antagonistas se pueden identificar reduciendo la actividad. Un ensayo de actividad implica ensayar si un agonista candidato puede inducir la unión de una proteína PYR/PYL a un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) de una manera específica del agonista. Las metodologías de dos híbridos de mamíferos o levaduras (véase, por ejemplo, Bartel, P. L. *et al. Methods Enzymol*, 254: 241 (1995)) se pueden usar para identificar polipéptidos u otras moléculas que interaccionan o se unen cuando se expresan conjuntamente en una célula. En algunos aspectos, los agentes que agonizan un polipéptido PYR/PYL se identifican en un ensayo de dos híbridos entre un polipéptido PYR/PYL y un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C), en el que un agonista de ABA se identifica como un agente que activa o permite la unión del polipéptido PYR/PYL y el polipéptido PP2C. De este modo, los dos polipéptidos se unen en presencia, pero no en ausencia del agente.

En algunos aspectos, los agentes que antagonizan un polipéptido PYR/PYL se identifican en un ensayo de dos híbridos entre un polipéptido PYR/PYL y un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C), en el que un antagonista de ABA se identifica como un agente que disminuye la unión del polipéptido PYR/PYL y del polipéptido PP2C, opcionalmente, en presencia de ABA o de un agonista de ABA de PYR/PYL. De este modo, el antagonista bloquea la unión normal de los dos polipéptidos que normalmente es potenciada por ABA u otros agonistas, o como alternativa, que se observa en proteínas PYR/PYL que interaccionan constitutivamente.

3. Ensayos de expresión

También se proporciona detección de un compuesto que aumenta la expresión de un polipéptido PYR/PYL. En general, los métodos de detección implican la realización de ensayos basados en células o en plantas en los que los compuestos de ensayo se ponen en contacto con una o más células que expresan el polipéptido PYR/PYL y, a continuación, detectan un aumento en la expresión de PYR/PYL (bien un producto de transcripción o de traducción). Los ensayos se pueden realizar con células que expresan de forma natural PYR/PYL o en células alteradas de forma recombinante para expresar PYR/PYL, o en células alteradas recombinantemente para expresar un gen indicador bajo el control del promotor PYR/PYL.

Se pueden realizar diversos controles para garantizar que una actividad observada es auténtica, incluyendo la realización de reacciones paralelas con células que carecen de la construcción indicadora o no poniendo en contacto una célula que porta la construcción indicadora con el compuesto de ensayo.

5 4. Validación

Los agentes que se identifican inicialmente mediante cualquiera de los métodos de detección anteriores pueden someterse a un ensayo adicional para validar la actividad aparente y/o determinar otros efectos biológicos del agente. En algunos casos, se ensaya el agente identificado para determinar la capacidad de producir estrés en la planta (por ejemplo, tolerancia a la sequía), germinación de semillas u otro fenotipo afectado por ABA. En la técnica, se conoce una serie de estos ensayos y fenotipos, y se pueden emplear de acuerdo con los métodos de la divulgación.

15 5. Ensayos de alto rendimiento soluble y de fase sólida

En los ensayos de alto rendimiento de la divulgación, es posible detectar hasta varios miles de moduladores o ligandos diferentes en un solo día. En particular, cada pocillo de una placa de microtitulación se puede usar para ejecutar un ensayo separado contra un modulador potencial seleccionado o, si se observan efectos de concentración o de tiempo de incubación, cada 5-10 pocillos puede ensayar un solo modulador. Por lo tanto, una única placa de microvaloración convencional puede ensayar aproximadamente 100 (por ejemplo, 96) moduladores. Si se usan placas de 1.536 pocillos, entonces una sola placa puede ensayar fácilmente de aproximadamente 100 a aproximadamente 1.500 compuestos diferentes. Es posible ensayar varias placas diferentes al día; las exploraciones de ensayo para hasta aproximadamente 6.000-20.000 o más compuestos diferentes son posibles usando los sistemas integrados de la divulgación. Además, pueden se pueden usar metodologías microfluídicas para la manipulación de reactivos.

La molécula de interés (por ejemplo, PYR/PYL o una célula que expresa un polipéptido PYR/PYL) se puede unir al componente en estado sólido, directa o indirectamente, mediante enlace covalente o no covalente.

30 La divulgación proporciona ensayos *in vitro* para identificar, en un formato de alto rendimiento, compuestos que puedan modular la expresión o actividad de PYR/PYL.

V. Polipéptidos receptores PYR/PYL

35 Los polipéptidos de la divulgación, cuando se expresan en plantas, median la señalización de ABA y de análogos de ABA. En algunos aspectos, los polipéptidos PYR/PYL interactúan (por ejemplo, en un ensayo de dos híbridos de levadura) con un polipéptido PP2C (por ejemplo, ABI1 o 2 o sus ortólogos, por ejemplo, de la subfamilia del grupo A de PP2C) en ABA, pirabactina u otra forma dependiente de los agonistas de ABA como se describe en el presente documento.

40 Se conoce en la técnica una amplia variedad de secuencias de polipéptidos PYR/PYL, y se pueden usar de acuerdo con los métodos y las composiciones de la divulgación. Como se ha indicado en el presente documento, aunque PYR1 se identificó originalmente como un receptor de ABA en *Arabidopsis*, lo cierto es que PYR1 es un miembro de un grupo de al menos 14 proteínas (proteínas PYR/PYL) de la misma familia de proteínas en *Arabidopsis*, y que también median la señalización de ABA. Esta familia de proteínas también está presente en otras plantas (véase, por ejemplo, LISTADO DE SECUENCIAS) se caracteriza en parte por la presencia de uno o más o todos de un dominio 2 de poliquétido ciclasa (PF10604), un dominio 1 de poliquétido ciclasa (PF03364) y un dominio Bet V I (PF03364). Los dominios de la superfamilia START/Bet v 1 se describen en, por ejemplo, Radauer, *BMC Evol. Biol.* 8: 286 (2008).

50 En situaciones en las que se desean variantes u ortólogos de las secuencias anteriores, puede ser útil generar alineaciones de secuencia para identificar aminoácidos o motivos conservados (es decir, cuando la alteración de las secuencias puede alterar la función de la proteína) y regiones en las que se produce la variación en la alineación de secuencias (es decir, donde la variación de la secuencia no es probable que afecte significativamente a la actividad proteica). Las SEQ ID NO: 1, 91 y 92 proporcionan secuencias consenso útiles para identificar polipéptidos PYR/PYL. Otras secuencias de consenso útiles incluyen, por ejemplo, EXLXXDXXXXXXXXXXGGXHL (SEQ ID NO: 138); CxSxxxxxxAPxxxxWxxxxFxxPxxxxFxxC (SEQ ID NO: 93), GxxRxVxxxSxxPaxxSxxExLxxxD (SEQ ID NO: 94) y/o GGxHRLxNYxS (SEQ ID NO: 95). Además, se pueden representar secuencias de consenso más específicas alineando subconjuntos de los 14 miembros de las proteínas PYR/PYL de *Arabidopsis*. Los ejemplos de dichas secuencias de consenso incluyen, por ejemplo,

PYR1 a PYL12

65 CxSxxxxxxAPxxxxWxxxxFxxPxxxKxFxxC (SEQ ID NO: 96)
GxxRxVxxxSxLPaxxSxxExLxxxD (SEQ ID NO: 97)
GGxHRLxNYxS (SEQ ID NO: 98)

ESxxVDxPxGNxxxxTxxFxxxxxxNLxxL (SEQ ID NO: 99)

PYR1-PYL6

5 HxxxxxxxxCxSxxxxxxxxAPxxxxWxxxxxFxxPxxYKxFxxxC (SEQ ID NO: 100)
 VGRxVxVxSGLPAxxSxExLxxDxxxxxxFxxGGxHRLxNYxSVT (SEQ ID NO: 101)
 VxESYxVDxPxGNxxxxTxxFxDxxxxNLQxL (SEQ ID NO: 102)

PYL7-PYL10

10 HxHxxxxQCxSxLVKxIxAPxHxVWSxVRRFDxPQKYKPFxSRCxVxGx (SEQ ID NO: 103)
 ExGxxREVxxKSLPATxSTExLExLDDxEHILxIxIxGGDHRLKNYSSxxxxHxExIxGxxG Tx (SEQ ID NO: 104)
 xxESFVVDVxGNTKxxTCxFVExLxLxCNLxSLAxxxERL (SEQ ID NO: 105)

PYL11-PYL13

CxSxxVxTixAPLxLVWSILRxFDxPxxxxFVKxCxxxSGxGG (SEQ ID NO: 106)
 GSVRxVTxVSxxPAxFSxERLxELDDESHVMxxSIIGGxHRLVNYxSKT (SEQ ID NO: 107)

20 Por consiguiente, en algunos aspectos, los polipéptidos PYR/PYL de la divulgación comprenden una o más de las secuencias de consenso descritas anteriormente o sus variantes conservativas.

Los expertos en la materia reconocerán que las posiciones variables dentro de las secuencias de consenso anteriores se pueden seleccionar basándose en qué aminoácidos se producen en sus posiciones correspondientes en polipéptidos PYR1 específicos (por ejemplo, como ocurre en cualquiera de las SEQ ID NO: 2-90) o, como alternativa, pueden ser sus sustituciones conservativas. En algunos aspectos, los polipéptidos PYR/PYL de la divulgación son esencialmente idénticos a (por ejemplo, al menos el 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % idénticos a) cualquiera de los SEQ ID NO: 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136 o 137.

La presente divulgación proporciona el uso de las anteriores proteínas y/o secuencias de ácido nucleico, que codifican dichos polipéptidos, en los métodos y las composiciones (por ejemplo, casetes de expresión, plantas, etc.) de la presente divulgación. El aislamiento de una secuencia polinucleotídica que codifica una planta PYR/PYL (por ejemplo, a partir de plantas en las que las secuencias de PYR/PYL aún no se han identificado) se puede realizar mediante un número de técnicas. Por ejemplo, las sondas de oligonucleótidos basadas en las secuencias codificantes de PYR/PYL desveladas (por ejemplo, como las enumeradas en la LISTA DE SECUENCIAS) en el presente documento para identificar el gen de PYR/PYL deseado en una biblioteca de ADNc o ADN genómico. Para construir bibliotecas genómicas, se generan segmentos grandes de ADN genómico mediante fragmentación aleatoria, por ejemplo, usando endonucleasas de restricción, y se ligan con ADN vectorial para formar concatémeros que se puedan empaquetar en el vector apropiado. Para preparar una biblioteca de ADNc, se aísla el ARNm a partir del tejido deseado, tal como una hoja de una determinada especie vegetal, y se prepara una biblioteca de ADNc que contenga la transcripción génica de interés a partir del ARNm. Como alternativa, el ADNc puede prepararse a partir del ARNm extraído de otros tejidos en los que se expresa el gen de PYR/PYL.

A continuación, se puede explorar el ADNc o la biblioteca genómica usando una sonda basada en la secuencia de un gen de PYR/PYL desvelado en el presente documento. Se pueden usar sondas para hibridarse con secuencias de ADN o ADNc genómico para aislar genes homólogos de la misma o diferente especie vegetal. Como alternativa, se pueden usar anticuerpos contra un polipéptido para explorar una biblioteca de expresión de ARNm.

Como alternativa, los ácidos nucleicos que codifican PYR/PYL pueden amplificarse a partir de muestras de ácido nucleico usando técnicas de amplificación. Por ejemplo, la tecnología de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) puede usarse para amplificar secuencias codificantes de PYR/PYL directamente a partir del ADN genómico, del ADNc, de bibliotecas genómicas o de bibliotecas de ADNc. La PCR y otros métodos de amplificación *in vitro* también pueden ser útiles, por ejemplo, para clonar secuencias de polinucleótidos que codifican PYR/PYL por expresar, para hacer que los ácidos nucleicos se usen como sondas para detectar la presencia del ARNm deseado en muestras, para la secuenciación de ácidos nucleicos o para otros fines. Para una visión general de la PCR, véase "PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications". (Innis, M. Gelfand, D., Sninsky, J. y White, T., eds.), Academic Press, San Diego (1990). Los cebadores y las sondas apropiados para identificar secuencias de tejidos vegetales se generan a partir de las comparaciones de las secuencias proporcionadas en el presente documento con otros genes relacionados.

65 En algunos aspectos, se ha secuenciado el genoma parcial o completo de una serie de plantas y se han identificado marcos de lectura abiertos. Mediante una búsqueda BLAST, se puede identificar la secuencia codificante para

PYR/PYL en diversas plantas.

Las variantes de los polipéptidos PYR/PYL naturales (o ácidos nucleicos que codifican dichos polipéptidos) se contemplan mediante el término polipéptido PYR/PYL. Las variantes incluyen, por ejemplo, proteínas de fusión, eliminaciones o mutaciones que conservan la actividad.

En algunos aspectos, el polipéptido PYR/PYL se activa (por ejemplo, como se mide en un ensayo de dos híbridos con PP2C u otros ensayos de receptores) en presencia de ABA (o agonista de ABA), pero no es significativamente activo en ausencia de ABA o agonista. Como alternativa, en algunos aspectos, los polipéptidos PYR/PYL de la divulgación son constitutivamente activos, es decir, son activos en ausencia de ABA o un agonista de ABA. Como se describe en los ejemplos, los inventores han encontrado que las mutaciones H60P, M158T, M158I, M158S o M158V en PYR1 de *Arabidopsis* cambian la proteína a una proteína constitutivamente activa. Como ambas posiciones (H60 y M158) están presentes en la superficie de contacto dimérica de la proteína PYR/PYL, se cree que pueden generarse otros mutantes constitutivos mediante la introducción de cambios de aminoácidos en otras posiciones de la superficie de contacto dimérica (por ejemplo, F61, K63, I84, S85, L87, P88, A89, S152, D155, T156, F159, T162, L166 y/o K170). Aunque las posiciones anteriores se hacen con referencia a la proteína PYR1 de *Arabidopsis*, se pretende que la posición correspondiente en otros polipéptidos PYR/PYL también se incluya en la descripción anterior. La posición correspondiente en otro polipéptido PYR/PYL se puede determinar fácilmente usando un software de alineación convencional tal como BLAST. Aunque se han descrito anteriormente cambios de aminoácidos específicos, la divulgación pretende abarcar mutaciones a otros aminoácidos aparte de aquellas específicamente descritas anteriormente. En algunos aspectos, por ejemplo, se pueden incluir aminoácidos conservativos en lugar de las mutaciones expuestas anteriormente.

Curiosamente, los inventores han observado que algunas proteínas PYR/PYL de origen natural tienen de forma natural un P en la posición que corresponde a H60. Por ejemplo, PYL9 de *Arabidopsis* tiene un P en esta posición. Los inventores han encontrado que PYL9 es constitutivamente activo. En algunos aspectos, una proteína PYR/PYL constitutivamente activa se convierte en una proteína activada por ABA o un agonista de ABA cambiando una prolina en la posición "H60" (con referencia a la posición en PYR1 de *Arabidopsis*) a una histidina u otro aminoácido distinto de la prolina.

Por consiguiente, la presente divulgación proporciona polipéptidos PYR/PYL que son constitutivamente activos y que tienen una mutación como se ha descrito anteriormente. En algunos aspectos, los polipéptidos constitutivos comprenderán una o más de las secuencias de consenso descritas anteriormente y/o serán esencialmente idénticos a una de las SEQ ID NO: 2-90.

VI. Uso de ácidos nucleicos y polipéptidos PYR/PYL de la invención

La divulgación proporciona métodos de modulación de la sensibilidad de ABA en una planta mediante la modificación de la expresión o actividad de PYR/PYL, por ejemplo, introduciendo en una planta un casete de expresión recombinante que comprende un elemento regulador (por ejemplo, un promotor) unido operativamente a un polinucleótido PYR/PYL, es decir, un ácido nucleico que codifica PYR/PYL o una secuencia que comprende una parte de la secuencia de un ARNm de PYR/PYL o su complemento.

En algunos aspectos, los métodos de la divulgación comprenden el aumento y/o la expresión ectópica de uno o más polinucleótidos PYR/PYL que codifican un polipéptido PYR/PYL en una planta. Dichos aspectos son útiles para aumentar la sensibilidad a ABA de una planta, dando lugar, por ejemplo, a una mejor tolerancia al estrés (por ejemplo, a la sequía) y/o retraso de la germinación de las semillas (para evitar la germinación prematura, por ejemplo, como puede ocurrir en los ambientes húmedos o debido a otra exposición a la humedad). Para la tolerancia al estrés, se pueden seleccionar promotores que, en general, no sean constitutivos ni se expresen en la mayoría de los tejidos vegetales, o pueden ser específicos de la hoja o de la raíz. Para afectar a la germinación de las semillas, en general, se usan promotores que dan lugar a la expresión en semillas o, en algunos aspectos, órganos o embriones florales.

En algunos aspectos, los métodos de la divulgación comprenden la reducción de la expresión endógena de PYR/PYL en la planta, disminuyendo así la sensibilidad de ABA en la planta. Dichos métodos pueden implicar, por ejemplo, la mutagénesis (por ejemplo, química, radiación, transposón u otra mutagénesis) de secuencias de PYR/PYL en una planta para reducir la expresión o actividad de PYR/PYL, o la introducción de un polinucleótido esencialmente idéntico a al menos una parte de una secuencia de ADNc de PYR/PYL o uno de sus complementos (por ejemplo, una "construcción de ARNi") para reducir la expresión de PYR/PYL. La disminución (o el aumento) de la expresión de PYR/PYL se puede usar para controlar el desarrollo de zonas de abscisión en los peciolo de las hojas y así controlar la pérdida de hojas, es decir, retardar la pérdida de hojas si disminuye la expresión y acelerar la pérdida de hojas si la expresión aumenta en las zonas de abscisión en una hoja.

A. Aumento de la expresión o actividad de PYR/PYL

Las secuencias aisladas preparadas como se describe en el presente documento también se pueden usar para preparar casetes de expresión que potencien o aumenten la expresión de genes de PYR/PYL. Cuando se desea una sobreexpresión de un gen, se puede usar el gen deseado (o al menos el polinucleótido que codifica un polipéptido PYR/PYL) de la misma especie o una especie diferente (o esencialmente idéntico al gen o polinucleótido que codifica un polipéptido PYR/PYL de otra especie). En algunos aspectos, para reducir los posibles efectos de la supresión sentido, se puede usar un polinucleótido que codifique un polipéptido PYR/PYL de una especie diferente (o esencialmente idéntico al gen o polinucleótido que codifique un polipéptido PYR/PYL de otra especie).

Se puede usar cualquiera de un número de medios bien conocidos en la técnica para aumentar la actividad de PYR/PYL en plantas. Cualquier órgano o parte de la planta puede ser la diana, tal como los órganos/estructuras vegetativas de los brotes (por ejemplo, hojas, tallos y tubérculos), raíces, flores y órganos/estructuras florales (por ejemplo, brácteas, sépalos, pétalos, estambres, carpelos, anteras y óvulos), semillas (incluyendo embrión, endosperma y cubierta de la semilla), fruto, zona de abscisión, etc. Como alternativa, se pueden expresar constitutivamente uno o varios genes de PYR/PYL (por ejemplo, usando el promotor CaMV 35S u otro promotor constitutivo).

Un experto reconocerá que los polipéptidos codificados por los genes de la divulgación, al igual que otras proteínas, tienen diferentes dominios que desempeñan diferentes funciones. Por lo tanto, las secuencias de polinucleótidos sobreexpresadas o expresadas ectópicamente no necesitan ser de longitud completa, siempre que se exprese el dominio funcional deseado de la proteína. Como alternativa, o además, las proteínas PYR/PYL activas pueden expresarse como fusiones, sin que necesariamente se altere significativamente la actividad de PYR/PYL. Los ejemplos de parejas de fusión incluyen, pero sin limitación, poli-His u otras secuencias de marcador.

B. Reducción de la expresión o actividad de PYR/PYL

Se puede usar un número de métodos para inhibir la expresión de genes en plantas. Se conoce una variedad de métodos para inhibir la expresión génica, y se pueden usar para inhibir la expresión de uno o más genes de PYR/PYL. Véanse, por ejemplo, las patentes de EE.UU. n.º 5.759.829; 5.107.065; 5.231.020; 5.283.184; 6.506.559; 6.573.099; 6.326.193; 7.109.393. Por ejemplo, se puede usar convenientemente la tecnología antisentido. Para ello, se clona un segmento de ácido nucleico del gen deseado y se une operativamente a un promotor de manera que se transcriba la cadena antisentido de ARN. A continuación, se transforma el casete de expresión en plantas y se produce la cadena antisentido de ARN. En las células vegetales, se ha sugerido que el ARN antisentido inhibe la expresión génica mediante la prevención de la acumulación de ARNm que codifica la enzima de interés, véase, por ejemplo, Sheehy *et al.*, *Proc. Nat. Acad. Sci. EE.UU.*, 85:8805-8809 (1988); Pnueli *et al.*, *The Plant Cell* 6:175-186 (1994); y Hiatt *et al.*, patente de Estados Unidos n.º 4.801.340.

La secuencia de ácido nucleico antisentido transformada en plantas será esencialmente idéntica a al menos una parte del gen o de los genes endógenos que se van a reprimir. Sin embargo, la secuencia no tiene que ser perfectamente idéntica para inhibir la expresión. Por lo tanto, una molécula de ácido nucleico antisentido o sentido que codifica solamente una parte de polipéptido PYR/PYL o una parte del ADNc de PYR/PYL, puede ser útil para producir una planta en la que se suprima la expresión de PYR/PYL. Los vectores de la presente divulgación pueden diseñarse de manera que el efecto inhibidor se aplique a otras proteínas dentro de una familia de genes que presenten homología u homología sustancial con el gen diana. En algunos aspectos, puede ser deseable inhibir la expresión de más de un polipéptido de PYR/PYL al mismo tiempo usando una o más moléculas sentido o antisentido, u otras moléculas de ácido nucleico ARNiP.

Para la supresión antisentido, la secuencia introducida tampoco necesita ser de longitud completa con respecto a bien el producto de transcripción primario o al ARNm completamente procesado. En general, se puede usar homología superior para compensar el uso de una secuencia más corta. Además, la secuencia introducida no necesita tener el mismo patrón de intrón o exón, y la homología de segmentos no codificantes puede ser igualmente eficaz. Por ejemplo, se puede usar una secuencia de aproximadamente 30 o 40 nucleótidos, y en algunos aspectos, se deben usar nucleótidos de aproximadamente la longitud completa, aunque se puede usar una secuencia de al menos aproximadamente 20, 50, 100, 200 o 500 nucleótidos.

También se pueden usar moléculas de ARN catalítico o ribozimas para inhibir la expresión de genes de PYR/PYL. Es posible diseñar ribozimas que se emparejen específicamente con prácticamente cualquier ARN diana y escindan la cadena principal de fosfodiéster en una ubicación específica, inactivando funcionalmente de ese modo el ARN diana. Al llevar a cabo esta escisión, la ribozima no está alterada en sí y, por lo tanto, es capaz de reciclar y escindir otras moléculas, convirtiéndolas en una verdadera enzima. La inclusión de secuencias de ribozimas dentro de los ARN antisentido confiere actividad de escisión del ARN a los mismos, aumentando con ello la actividad de las construcciones.

Se ha identificado un número de clases de ribozimas. Una clase de ribozimas se deriva de un número de pequeños ARN circulares que son capaces de la auto-escisión y replicación en las plantas. Los ARN se replican ya sea solos

(ARN viroides) o con un virus auxiliar (ARN satélites). Los ejemplos incluyen ARN del viroide de la mancha solar del aguacate y los ARN satélites del virus de la mancha anular del tabaco, del virus de la raya transitoria de la alfalfa, del virus del moteado del tabaco aterciopelado, del virus del moteado de *Solanum nodiflorum* y del virus del moteado del trébol subterráneo. El diseño y uso de ribozimas específicas del ARN diana se describe en Haseloff *et al.* *Nature*, 334: 585-591 (1988).

Otro método de supresión es la supresión sentido (también conocida como supresión conjunta). Se ha demostrado que la introducción de casetes de expresión en los que está configurado un ácido nucleico en la orientación sentido con respecto al promotor es un medio eficaz para bloquear la transcripción de los genes diana. Para un ejemplo del uso de este método para modular la expresión de genes endógenos véase, Napoli *et al.*, *The Plant Cell* 2:279-289 (1990); Flavell, *Proc. Natl. Acad. Sci.*, EE.UU. 91:3490-3496 (1994); Kooter y Mol, *Current Opin. Biol.* 4:166-171 (1993); y las patentes de EE.UU. n.º 5.034.323, 5.231.020 y 5.283.184.

En general, cuando se desea la inhibición de la expresión, se produce cierta transcripción de la secuencia introducida. El efecto puede ocurrir cuando la secuencia introducida no contiene ninguna secuencia de codificación en sí, sino solo intrón o secuencias no traducidas homólogas a las secuencias presentes en la transcripción primaria de la secuencia endógena. En general, la secuencia introducida será esencialmente idéntica a la secuencia endógena destinada a ser reprimida. Esta identidad mínima será normalmente superior al aproximadamente 65 %, pero una identidad superior puede ejercer una represión más eficaz de la expresión de las secuencias endógenas. En algunos aspectos, se usan secuencias con identidad esencialmente mayor, por ejemplo, se usan al menos aproximadamente el 80 %, se usa al menos aproximadamente 95 % o 100 % de identidad. Al igual que con la regulación antisentido, se puede diseñar y ensayar el efecto para aplicarse a cualquier otra proteína dentro de una familia similar de genes que presenten homología o homología sustancial.

Para la supresión sentido, la secuencia introducida en el casete de expresión, que necesita menos identidad que la absoluta, tampoco necesita ser de longitud completa, con relación al producto de transcripción primario o al ARNm completamente procesado. Esto se puede preferir para evitar la producción concurrente de algunas plantas que son sobreexpresoras. Una identidad superior en una secuencia más corta que la de longitud completa compensa una secuencia más larga, menos idéntica. Además, la secuencia introducida no necesita tener el mismo patrón de intrón o exón, y la identidad de segmentos no codificantes será igualmente eficaz. En algunos aspectos, se usa una secuencia de los intervalos de tamaño indicados anteriormente para la regulación antisentido, es decir, 30-40, o al menos aproximadamente 20, 50, 100, 200, 500 o más nucleótidos.

La expresión génica endógena también puede suprimirse mediante la interferencia del ARN (ARNi) (y de hecho la supresión conjunta puede considerarse un tipo de ARNi), que usa un ARN bicatenario que tiene una secuencia idéntica o similar a la secuencia del gen diana. El ARNi es el fenómeno en el que cuando se introduce un ARN bicatenario que tiene una secuencia idéntica o similar a la del gen diana en una célula, se suprimen las expresiones tanto del gen exógeno insertado como del gen endógeno diana. El ARN bicatenario puede estar formado por dos ARN complementarios separados o puede ser un solo ARN con secuencias internamente complementarias que forman un ARN bicatenario. Aunque todavía se desconocen todos los detalles del mecanismo del ARNi, se considera que el ARN bicatenario introducido se escinde inicialmente en pequeños fragmentos, que sirven después como índices del gen diana de alguna manera, degradando así el gen diana. Se sabe que el ARNi también es eficaz en las plantas (véase, por ejemplo, Chuang, C. F. y Meyerowitz, E. M., *Proc. Natl. Acad. Sci.* EE.UU. 97: 4985 (2000); Waterhouse *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci.* EE.UU. 95:13959-13964 (1998); Tabara *et al.* *Science* 282:430-431 (1998); Matthew, *Comp Funct Genom* 5: 240-244 (2004); Lu, *et al.*, *Nucleic Acids Research* 32(21):e171 (2004)). Por ejemplo, para lograr la supresión de la expresión de un ADN que codifica una proteína usando ARNi, se introduce un ARN bicatenario que tenga la secuencia de un ADN codificante de la proteína o una secuencia esencialmente similar de la misma (incluyendo aquellas diseñadas para no traducir la proteína) o fragmento de la misma, en una planta de interés. Las plantas resultantes se pueden explorar entonces en busca de un fenotipo asociado con la proteína diana y/o mediante el control de los niveles de ARN de estado estacionario para las transcripciones que codifican la proteína. Aunque los genes usados para el ARNi no necesitan ser completamente idénticos al gen diana, pueden ser al menos un 70 %, 80 %, 90 %, 95 % o más idénticos a la secuencia génica diana (por ejemplo, PYR/PYL). Véase, por ejemplo, la publicación de patente de EE.UU. n.º 2004/0029283. Las construcciones que codifican una molécula de ARN con una estructura de tallo-bucle que no está relacionada con el gen diana y que está situada distalmente con respecto a una secuencia específica para el gen de interés también se pueden usar para inhibir la expresión génica diana. Véase, por ejemplo, la publicación de patente de EE.UU. n.º 2003/0221211.

Los polinucleótidos ARNi pueden abarcar el ARN diana de longitud completa o pueden corresponder a un fragmento del ARN diana. En algunos casos, el fragmento tendrá menos de 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900 o 1.000 nucleótidos correspondientes a la secuencia diana. Además, en algunos aspectos, estos fragmentos tienen al menos, por ejemplo, 50, 100, 150, 200, o más nucleótidos de longitud. En algunos casos, los fragmentos para su uso en ARNi serán al menos esencialmente similares a las regiones de una proteína diana que no se encuentran en otras proteínas en el organismo o que pueden seleccionarse para tener tan poca similitud con otras transcripciones de organismos como sea posible, por ejemplo, seleccionarse en comparación con las secuencias de las bases de datos de secuencias de análisis disponibles para el público en general.

Se han diseñado vectores de expresión que expresan de manera continua ARNip en transfectados de forma transitoria y de forma estable para expresar ARN de horquilla pequeños que se procesan *in vivo* en moléculas de ARNip capaces de llevar a cabo el silenciamiento específico de los genes (Brummelkamp *et al.*, *Science* 296:550-553 (2002) y Paddison, *et al.*, *Genes & Dev.* 16:948-958 (2002)). El silenciamiento de genes posterior a la traducción por el ARN bicatenario es tratado con más detalle por Hammond *et al.* *Nature Rev Gen* 2: 110-119 (2001), Fire *et al.* *Nature* 391: 806-811 (1998) y Timmons y Fire, *Nature* 395: 854 (1998).

El experto en la materia reconocerá que con el uso de la tecnología basada en secuencias de nucleótidos específicas (por ejemplo, tecnología de supresión antisentido o sentido), las familias de genes homólogos pueden suprimirse con una sola transcripción sentido o antisentido. Por ejemplo, si se diseña una transcripción sentido o antisentido para que tenga una secuencia que se conserva entre una familia de genes, entonces se pueden suprimir múltiples miembros de una familia de genes. Por el contrario, si el objetivo solo es suprimir un miembro de una familia de genes homólogos, entonces la transcripción sentido o antisentido debería dirigirse a secuencias con la mayor varianza entre los miembros de la familia.

Otra forma de inhibir la función de *PYR/PYL* en una planta es mediante la creación de mutaciones negativas dominantes. En esta metodología, los polipéptidos *PYR/PYL* mutantes no funcionales, que conservan la capacidad de interactuar con subunidades de tipo silvestre, se introducen en una planta. También se puede usar una construcción negativa dominante para suprimir la expresión de *PYR/PYL* en una planta. Una construcción negativa dominante útil en la divulgación contiene, en general, una parte de la secuencia codificante completa de *PYR/PYL* suficiente, por ejemplo, para la unión al ADN o para una interacción proteína-proteína tal como una interacción proteína-proteína homodimérica o heterodimérica, pero carente de la actividad de transcripción de la proteína de tipo silvestre.

VII. Vectores de expresión recombinante

Una vez que se obtiene la secuencia de codificación o de ADNc para *PYR/PYL*, también se puede usar para preparar un casete de expresión para expresar la proteína *PYR/PYL* en una planta transgénica, dirigida por un promotor heterólogo. El aumento de la expresión del polinucleótido *PYR/PYL* es útil, por ejemplo, para producir plantas con mayor resistencia a la sequía. Como alternativa, como se ha descrito anteriormente, los vectores de expresión también pueden usarse para expresar polinucleótidos *PYR/PYL* y variantes de los mismos que inhiben la expresión endógena de *PYR/PYL*.

Se puede usar cualquiera de un número de medios bien conocidos en la técnica para aumentar o reducir la actividad o expresión de *PYR/PYL* en plantas. La diana puede ser cualquier órgano tal como órganos/estructuras vegetativas de los brotes (por ejemplo, hojas, tallos y tubérculos), raíces, flores y órganos/estructuras florales (por ejemplo, brácteas, sépalos, pétalos, estambres, carpelos, anteras y óvulos), semillas (incluyendo embrión, endospermo y cubierta de la semilla) y fruto. Como alternativa, el gen de *PYR/PYL* se puede expresar constitutivamente (por ejemplo, usando el promotor 35S de CaMV).

Para usar secuencias de codificación DE *PYR/PYL* o ADNc en las técnicas anteriores, se preparan vectores de ADN recombinante adecuados para la transformación de células vegetales. Las técnicas para transformar una amplia variedad de especies de plantas superiores son bien conocidas y se describen en la literatura técnica y científica. Véase, por ejemplo, Weising *et al.* *Ann. Rev. Genet.* 22: 421-477 (1988). Una secuencia de ADN que codifica el polipéptido *PYR/PYL* preferentemente se combinará con secuencias reguladoras de iniciación de la transcripción y de la traducción que dirigirán la transcripción de la secuencia del gen en los tejidos previstos de la planta transformada.

Por ejemplo, se puede emplear un fragmento de promotor vegetal para dirigir la expresión del gen de *PYR/PYL* en todos los tejidos de una planta regenerada. Dichos promotores se denominan en el presente documento promotores "constitutivos", y son activos en la mayoría de las condiciones ambientales y estados de desarrollo o diferenciación celular. Los ejemplos de promotores constitutivos incluyen la región de iniciación de la transcripción de 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor 1' o 2' derivado del ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens*, y otras regiones de iniciación de la transcripción de diversos genes vegetales conocidos por los expertos.

Como alternativa, el promotor vegetal puede dirigir la expresión de la proteína *PYR/PYL* en un tejido específico (promotores específicos del tejido) o puede estar de otro modo bajo control ambiental más preciso (promotores inducibles). Los ejemplos de promotores específicos de tejidos bajo el control de desarrollo incluyen promotores que inician la transcripción solo en ciertos tejidos, tales como hojas o células protectoras (incluyendo, pero sin limitación, las descritas en el documento WO/2005/085449, patentes de EE.UU. n.º 6.653.535, Li *et al.*, *Sci China C Life Sci.* Abril de 2005;48(2):181-6; Husebye, *et al.*, *Plant Physiol.* abril de 2002, Vol. 128, pág. 1180-1188; y Plesch, *et al.*, *Gene*, Volumen 249, número 1, 16 de mayo de 2000, pág. 83-89(7)). Los ejemplos de condiciones ambientales que pueden afectar a la transcripción por promotores inducibles incluyen condiciones anaerobias, temperatura elevada o la presencia de luz.

Si se desea una expresión adecuada de proteína, se debe incluir una región de poliadenilación en el extremo 3' de la región codificante. La región de poliadenilación puede derivarse del gen natural, de una variedad de otros genes vegetales o del ADN-T.

5 El vector que comprende las secuencias (por ejemplo, promotores o regiones codificantes de PYR/PYL) comprenderá normalmente un gen marcador que confiere un fenotipo seleccionable en células vegetales. Por ejemplo, el marcador puede codificar resistencia a biocidas, en particular, resistencia a antibióticos, tal como resistencia a kanamicina, G418, bleomicina, higromicina o resistencia a herbicidas, tal como resistencia al clorosulfurón o Basta.

10 En algunos aspectos, la secuencia de ácido nucleico PYR/PYL se expresa recombinantemente en células vegetales para potenciar y aumentar los niveles de polipéptido PYR/PYL total. Se pueden preparar una variedad de construcciones de expresión diferentes, tales como casetes de expresión y vectores adecuados para la transformación de células vegetales. Las técnicas para transformar una amplia variedad de especies de plantas superiores son bien conocidas y se describen en la literatura técnica y científica. Véase, por ejemplo, Weising *et al. Ann. Rev. Genet.* 22: 421-477 (1988). Una secuencia de ADN que codifica una proteína PYR/PYL se puede combinar con secuencias reguladoras de la transcripción que actúan en *cis* (promotoras) y en *trans* (potenciadoras) para dirigir el momento, el tipo de tejido y los niveles de transcripción en los tejidos previstos de la planta transformada. También se pueden usar elementos de control de la traducción.

20 La divulgación proporciona un ácido nucleico PYR/PYL unido operativamente a un promotor que, en algunos aspectos, es capaz de impulsar la transcripción de la secuencia codificante de PYR/PYL en plantas. El promotor se puede derivar, por ejemplo, de fuentes vegetales o virales. El promotor puede ser, por ejemplo, constitutivamente activo, inducible o específico del tejido. En la construcción de casetes de expresión recombinante, vectores, transgénicos, de la divulgación, se pueden seleccionar y emplear diferentes promotores para dirigir la expresión génica de forma diferencial, por ejemplo, en algunos o todos los tejidos de una planta o animal.

A. Promotores constitutivos

30 Se puede emplear un fragmento promotor para dirigir la expresión de un ácido nucleico PYR/PYL en todas las células o tejidos transformados, por ejemplo, como los de una planta regenerada. La expresión "elemento regulador constitutivo" significa un elemento regulador que confiere un nivel de expresión sobre una molécula nucleica unida operativamente que es relativamente independiente del tipo de célula o tejido en el que se expresa el elemento regulador constitutivo. Un elemento regulador constitutivo que se expresa en una planta, en general, se expresa ampliamente en un gran número de tipos de células y tejidos. Los promotores que dirigen la expresión de manera continua en condiciones fisiológicas se denominan promotores "constitutivos" y son activos en la mayoría de las condiciones ambientales y estados de desarrollo o diferenciación celular.

40 Una variedad de elementos reguladores constitutivos útiles para la expresión ectópica en una planta transgénica son bien conocidos en la materia. El promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (35S de CaMV), por ejemplo, es un elemento regulador constitutivo bien caracterizado que produce un alto nivel de expresión en todos los tejidos vegetales (Odell *et al.*, *Nature* 313:810-812 (1985)). El promotor 35S del CaMV puede ser particularmente útil debido a su actividad en numerosas especies vegetales diversas (Benfey y Chua, *Science* 250:959-966 (1990); Futterer *et al.*, *Physiol. Plant* 79:154 (1990); Odell *et al.*, *supra*, 1985). Un promotor 35S en tándem, en el que el elemento promotor intrínseco ha sido duplicado, confiere mayores niveles de expresión en comparación con el promotor 35S no modificado (Kay *et al.*, *Science* 236: 1299 (1987)). Otros elementos reguladores constitutivos útiles incluyen, por ejemplo, el promotor 19S del virus del mosaico de la coliflor; el promotor del virus del mosaico Figwort; y el promotor del gen de la nopalina sintasa (nos) (Singer *et al.*, *Plant Mol. Biol.* 14:433 (1990); An. *Plant Physiol.* 81:86 (1986)).

50 También se conocen en la técnica elementos reguladores constitutivos adicionales incluyendo aquellos para la expresión eficaz en monocotiledóneas, por ejemplo, el promotor pEmu y promotores basados en la región 5' de la Actina-1 del arroz (Last *et al.*, *Theor. Appl. Genet.* 81:581 (1991); Mcelroy *et al.*, *Mol. Gen. Genet.* 231:150 (1991); Mcelroy *et al.*, *Plant Cell* 2:163 (1990)). Los elementos reguladores quiméricos, que combinan elementos de diferentes genes, también pueden ser útiles para expresar ectópicamente una molécula de ácido nucleico que codifica una proteína PYR/PYL (Comai *et al.*, *Plant Mol Biol.* 15: 373 (1990)).

60 Otros ejemplos de promotores constitutivos incluyen el promotor 1' o 2' derivado del ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens* (véase, por ejemplo, Mengiste (1997) *supra*; O'Grady (1995) *Plant Mol. Biol.* 29:99-108); promotores de actina tales como el promotor del gen de la actina de *Arabidopsis* (véase, por ejemplo, Huang (1997) *Plant Mol. Biol.* 1997, 33: 125-139); alcohol deshidrogenasa (Adh) (véase, por ejemplo, Huang (1997) *Plant Mol. Biol.* 1997 33:125-139); ACT11 de *Arabidopsis* (Huang *et al.* *Plant Mol. Biol.* 33:125-139 (1996)), Cat3 de *Arabidopsis* (GenBank n.º U43147, Zhong *et al.*, *Mol. Gen. Genet.* 251:196-203 (1996)), el gen codificante de la proteína desaturasa del vehículo de stearoil-acilo de *Brassica napus* (Genbank n.º X74782, Solo-combe *et al.* *Plant Physiol.* 104:1167-1176 (1994)), GPC1 del maíz (GenBank n.º X15596, Martinez *et al.* *J. Mol. Biol.* 208:551-565 (1989)), Gpc2 del maíz (GenBank n.º U45855, Manjunath *et al.*, *Plant Mol. Biol.* 33:97-112 (1997)), otras regiones de iniciación de la transcripción de varios genes de plantas conocidos por los expertos. Véase también Holtorf, *Plant Mol. Biol.* 29:637-

646 (1995).

B. Promotores inducibles

5 Como alternativa, un promotor vegetal puede dirigir la expresión del gen de PYR/PYL bajo la influencia de condiciones ambientales o condiciones de desarrollo variables. Los ejemplos de condiciones ambientales que pueden afectar a la transcripción por promotores inducibles incluyen condiciones anaeróbicas, temperatura elevada, sequía o la presencia de luz. Dichos promotores se denominan en el presente documento promotores "inducibles". Por ejemplo, la divulgación puede incorporar un promotor específico de la sequía tal como el promotor inducible por la sequía del maíz (Busk (1997) *supra*); o, como alternativa, el promotor inducible por el frío, la sequía y el alto contenido en sal de la patata (Kirch (1997) *Plant Mol. Biol.* 33: 897-909).

15 Como alternativa, se usan promotores vegetales que son inducibles tras la exposición a hormonas vegetales, tales como auxinas, para expresar el gen de PYR/PYL. Por ejemplo, la divulgación puede usar el fragmento de promotor E1 de los elementos de respuesta a la auxina (AuxREs) de la soja (*Glycine max L.*) (Liu (1997) *Plant Physiol.*, 115: 397-407); el promotor GST6 de *Arabidopsis* que responde a la auxina (también sensible al ácido salicílico y al peróxido de hidrógeno) (Chen (1996) *Plant J.* 10: 955-966); el promotor parC inducible por la auxina del tabaco (Sakai (1996) 37: 906-913); un elemento de respuesta a la biotina vegetal (Streit (1997) *Mol Plant Microbe Interact.*, 10: 933-937); y el promotor que responde al ácido abscísico de la hormona del estrés (Sheen (1996) *Science* 274: 1900-1902).

25 Los promotores vegetales inducibles por la exposición a reactivos químicos que se pueden aplicar a la planta, tales como herbicidas o antibióticos, también son útiles para expresar el gen de PYR/PYL. Por ejemplo, se puede usar el promotor In2-2 del maíz, activado por los protectores de herbicidas de bencenosulfonamida (De Veylder (1997) *Plant Cell Physiol.*, 38: 568-577); la aplicación de diferentes protectores de herbicidas induce patrones de expresión génica distintos, incluyendo la expresión en la raíz, los hidatodos y el meristema apical de los brotes. Una secuencia de codificación de PYR/PYL también puede estar bajo el control de, por ejemplo, un promotor inducible por tetraciclina, por ejemplo, como se describe en las plantas de tabaco transgénicas que contienen el gen de arginina descarboxilasa de la *Avena sativa L.* (avena) (Masgrau (1997) *Plant J.* 11: 465-473); o un elemento sensible al ácido salicílico (Stange (1997) *Plant J.* 11:1315-1324; Uknes *et al.*, *Plant Cell* 5:159-169 (1993); Bi *et al.*, *Plant J.* 8:235-245 (1995)).

35 Los ejemplos de elementos reguladores inducibles útiles incluyen elementos reguladores inducibles por cobre (Mett *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 90:4567-4571 (1993); Furst *et al.*, *Cell* 55:705-717 (1988)); elementos reguladores inducibles por tetraciclina y clortetraciclina (Gatz *et al.*, *Plant J.* 2:397-404 (1992); Röder *et al.*, *Mol. Gen. Genet.* 243:32-38 (1994); Gatz, *Meth. Cell Biol.* 50:411-424 (1995)); elementos reguladores inducibles por la ecdisona (Christopherson *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 89:6314-6318 (1992); Kreutzweiser *et al.*, *Ecotoxicol. Environ. Safety* 28:14-24 (1994)); elementos reguladores inducibles por choque térmico (Takahashi *et al.*, *Plant Physiol.* 99:383-390 (1992); Yabe *et al.*, *Plant Cell Physiol.* 35:1207-1219 (1994); Ueda *et al.*, *Mol. Gen. Genet.* 250:533-539 (1996)); y elementos operón lac, que se usan en combinación con un represor lac expresado constitutivamente para conferir, por ejemplo, expresión inducible por IPTG (Wilde *et al.*, *EMBO J.* 11:1251-1259 (1992)). Un elemento regulador inducible útil en las plantas transgénicas de la divulgación también puede ser, por ejemplo, un promotor inducible por nitratos derivado del gen de la nitrito reductasa de la espinaca (Back *et al.*, *Plant Mol. Biol.* 17:9 (1991)) o un promotor inducible por la luz tal como el asociado con la subunidad pequeña de la RuBP carboxilasa o la familia de genes de LHCP (Feinbaum *et al.*, *Mol. Gen. Genet.* 226:449 (1991); Lam y Chua, *Science* 248:471 (1990)).

C. Promotores específicos de los tejidos

50 Como alternativa, el promotor vegetal puede dirigir la expresión del gen de PYR/PYL en un tejido específico (promotores específicos del tejido). Los promotores específicos del tejido son elementos de control de la transcripción que solo están activos en células o tejidos particulares en momentos específicos durante el desarrollo de la planta, tal como en tejidos vegetativos o tejidos reproductores.

55 Los ejemplos de promotores específicos de tejidos bajo el control de desarrollo incluyen promotores que solo inician la transcripción (o principalmente solo) en ciertos tejidos, tales como tejidos vegetativos, por ejemplo, raíces u hojas, o tejidos reproductores, tales como frutos, óvulos, semillas, polen, pistilos, flores o cualquier tejido embrionario, o epidermis o mesófilo. Los promotores específicos de tejido reproductor pueden ser, por ejemplo, específicos de óvulos, específicos de embriones, específicos de endospermas, específicos del tegumento, específicos de las semillas y la cubierta de las semillas, específicos del polen, específicos de los pétalos, específicos de los sépalos o alguna combinación de los mismos. En algunos aspectos, el promotor es específico del tipo de célula, por ejemplo, específico de las células protectoras.

65 Otros promotores específicos de tejidos incluyen promotores de semillas. Los promotores específicos de las semillas apropiados se derivan de los siguientes genes: *MAC1* del maíz (Sheridan (1996) *Genetics* 142:1009-1020); *Cat3* del maíz (GenBank n.º L05934, Abler (1993) *Plant Mol. Biol.* 22:10131-1038); *vivparous-1* de *Arabidopsis* (Genbank n.º.

U93215); *atmyc1* de *Arabidopsis* (Urao (1996) *Plant Mol. Biol.* 32:571-57; Conceicao (1994) *Plant* 5:493-505); *napA* de *Brassica napus* (GenBank n.º J02798, Josefsson (1987) *JBL* 26:12196-1301); y la familia de genes de la napina de *Brassica napus* (Sjodahl (1995) *Planta* 197:264-271)

5 También se puede usar una variedad de promotores específicamente activos en tejidos vegetativos, tales como hojas, tallos, raíces y tubérculos, para expresar polinucleótidos codificantes de polipéptidos PYR/PYL (o construcciones de ARNi, o antisentido o sentido). Por ejemplo, se pueden usar promotores que controlen la patatina, la principal proteína de almacenamiento del tubérculo de la patata, véase, por ejemplo, Kim (1994) *Plant Mol. Biol.* 26: 603-615; Martin (1997) *Plant J.* 11: 53-62. También se puede usar el promotor ORF13 de *Agrobacterium rhizogenes*, que presenta una alta actividad en las raíces (Hansen (1997) *Mol. Gen. Genet.* 254:337-343. Otros promotores útiles específicos del tejido vegetativo incluyen: el promotor tarina del gen que codifica una globulina de una familia principal de proteínas del bulbo de taro (*Colocasia esculenta* L. Schott), tarina (Bezerra (1995) *Plant Mol Biol.* 28: 137-144); el promotor de la curculina activo durante el desarrollo del bulbo de taro (de Castro (1992) *Plant Cell* 4: 1549-1559) y el promotor del gen específico de la raíz del tabaco TobRB7, cuya expresión está ubicada en el meristema de la raíz y en regiones inmaduras del cilindro central (Yamamoto (1991) *Plant Cell* 3:371-382).

Se pueden usar promotores específicos de la hoja, tales como los promotores de ribulosa bifosfato carboxilasa (RBCS). Por ejemplo, los genes RBCS1, RBCS2 y RBCS3A del tomate se expresan en hojas y plántulas de cultivo ligero, solo RBCS1 y RBCS2 se expresan en frutos de tomate en desarrollo (Meier (1997) *FEBS Lett.* 415: 91-95). Se pueden usar promotores de ribulosa bisfosfato carboxilasa expresados casi exclusivamente en células de mesófilo en el limbo y en las vainas foliares a altos niveles, descritos por Matsuoka (1994) *Plant J.* 6: 311-319. Otro promotor específico de la hoja es el promotor del gen de la proteína de unión a la clorofila a/b de captura ligera, véase, por ejemplo, Shiina (1997) *Plant Physiol.* 115:477-483; Casal (1998) *Plant Physiol.* 116:1533-1538. El promotor del gen relacionado con *myb* de *Arabidopsis thaliana* (*Atmyb5*) descrito por Li (1996) *FEBS Lett.* 379:117-121, es específico de la hoja. El promotor *Atmyb5* se expresa en el desarrollo de tricomas foliares, estípulas y células epidérmicas de los márgenes de las hojas jóvenes de roseta y caulina, y en semillas inmaduras. El ARNm de *Atmyb5* aparece entre la fertilización y la etapa de 16 células del desarrollo embrionario, y persiste más allá de la etapa cardíaca. También se puede usar un promotor foliar identificado en el maíz por Busk (1997) *Plant J.* 11:1285-1295.

Otra clase de promotores útiles específicos del tejido vegetativo son los promotores meristemáticos (punta de la raíz y ápice del brote). Por ejemplo, se pueden usar los promotores "SHOOTMERISTEMLESS" y "SCARECROW", que son activos en el desarrollo de los meristemas apicales de los brotes o de las raíces, descritos por Di Laurenzio (1996) *Cell* 86:423-433; y Long (1996) *Nature* 379: 66-69. Otro promotor útil es el que controla la expresión del gen HMG2 de la 3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A reductasa, cuya expresión está restringida a los tejidos meristemáticos y florales (zona secretora del estigma, granos de polen maduros, tejido vascular ginecoico y óvulos fertilizados) (véase, por ejemplo, Enjuto (1995) *Plant Cell.* 7:517-527). También son útiles los genes relacionados con *kn1* del maíz y otras especies que muestran una expresión específica del meristemo, véase, por ejemplo, Granger (1996) *Plant Mol. Biol.* 31: 373-378; Kerstetter (1994) *Plant Cell* 6: 1877-1878; Hake (1995) *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 350:45-51. Por ejemplo, el promotor KNAT1 de *Arabidopsis thaliana* (véase, por ejemplo, Lincoln (1994) *Plant Cell* 6: 1859-1876).

El experto reconocerá que un promotor específico del tejido puede impulsar la expresión de secuencias unidas operativamente en tejidos distintos del tejido diana. Por lo tanto, como se usa en el presente documento, un promotor específico del tejido es aquel que dirige la expresión preferentemente en el tejido diana, pero también puede conducir a alguna expresión en otros tejidos.

En otro aspecto, el polinucleótido PYR/PYL se expresa a través de un elemento transponible. Esto permite la expresión constitutiva, aunque periódica e infrecuente del polipéptido constitutivamente activo. La divulgación también proporciona el uso de promotores específicos del tejido derivados de virus que incluyen, por ejemplo, el promotor subgenómico del virus tobaco (Kumagai (1995) *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 92:1679-1683; el virus tungro baciliforme del arroz (RTBV), que solo se replica en células de floema de plantas de arroz infectadas, activando su promotor la expresión génica fuerte de indicador específico del floema; el promotor del virus del mosaico de la vena de la mandioca (CVMV), con mayor actividad en elementos vasculares, en células de mesófilos foliares y en puntas de raíz (Verdaguer (1996) *Plant Mol. Biol.* 31: 1129-1139).

VIII. Producción de plantas transgénicas

Como se detalla en el presente documento, la presente divulgación proporciona plantas transgénicas que comprenden casetes de expresión recombinantes, bien para expresar proteínas PYR/PYL en una planta, o para inhibir o reducir la expresión endógena de PYR/PYL. Por lo tanto, en algunos aspectos, se genera una planta transgénica que contiene una secuencia completa o parcial de un polinucleótido codificante de PYR/PYL endógeno, ya sea para aumentar o reducir la expresión y actividad de PYR/PYL. En algunos aspectos, se genera una planta transgénica que contiene una secuencia completa o parcial de un polinucleótido que es esencialmente idéntico a un polinucleótido codificante de PYR/PYL endógeno, ya sea para aumentar o reducir la expresión y la actividad de PYR/PYL. En algunos aspectos, se genera una planta transgénica que contiene una secuencia completa o parcial

de un polinucleótido que es de una especie distinta de la especie de la planta transgénica. Debe reconocerse que las plantas transgénicas abarcan la planta o célula vegetal en la que se introduce el casete de expresión, así como la progenie de dichas plantas o células vegetales que contienen el casete de expresión, incluyendo la progenie que tiene el casete de expresión integrado de forma estable en un cromosoma.

- 5 Un vector de expresión recombinante que comprende una secuencia de codificación de PYR/PYL activada por un promotor heterólogo puede introducirse en el genoma del hospedador vegetal deseado mediante una variedad de técnicas convencionales. Por ejemplo, la construcción de ADN puede introducirse directamente en el ADN genómico de la célula vegetal usando técnicas tales como la electroporación y la microinyección de protoplastos de células vegetales, o la construcción de ADN puede introducirse directamente en el tejido vegetal mediante métodos balísticos tales como el bombardeo de partículas de ADN. Como alternativa, la construcción de ADN se puede combinar con regiones flanqueantes de ADN-T adecuadas y se introduce en un vector hospedador convencional de *Agrobacterium tumefaciens*. Las funciones de virulencia del hospedador *Agrobacterium tumefaciens* dirigirán la inserción de la construcción y del marcador adyacente en el ADN de la célula vegetal cuando la célula está infectada por las bacterias. Aunque la expresión transitoria de PYR/PYL está comprendida por la divulgación, en general, la expresión de la construcción de la divulgación será desde la inserción de casetes de expresión en el genoma de la planta, por ejemplo, de manera que al menos algunos descendientes vegetales también contengan el casete de expresión integrado.
- 10
- 15
- 20 Las técnicas de microinyección también son útiles para este fin. Estas técnicas son bien conocidas en la materia y se describen a fondo en la bibliografía. La introducción de construcciones de ADN usando precipitación en polietilenglicol se describe en Paszkowski *et al.* *EMBO J.* 3: 2717-2722 (1984). Las técnicas de electroporación se describen en Fromm *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 82:5824 (1985). Las técnicas de transformación balística se describen en Klein *et al.* *Nature* 327: 70-73 (1987).
- 25 Las técnicas de transformación mediadas por *Agrobacterium tumefaciens*, incluyendo el desarme y el uso de vectores binarios, están bien descritas en la literatura científica. Véase, por ejemplo, Horsch *et al.* *Science* 233: 496-498 (1984), y Fraley *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU.* 80: 4803 (1983).
- 30 Las células vegetales transformadas derivadas de cualquiera de las técnicas de transformación anteriores pueden cultivarse para regenerar una planta entera que posea el genotipo transformado y, por tanto, el fenotipo deseado, tal como una mejor resistencia a la sequía. Dichas técnicas de regeneración se basan en la manipulación de ciertas fitohormonas en un medio de crecimiento de cultivo tisular, dependiendo normalmente de un marcador biocida y/o herbicida que se haya introducido junto con las secuencias de nucleótidos deseadas. La regeneración de plantas a partir de protoplastos cultivados se describe en Evans *et al.*, "Protoplasts Isolation and Culture", *Handbook of Plant Cell Culture*, pág. 124-176, MacMillan Publishing Company, Nueva York, 1983; y "Binding, Regeneration of Plants, Plant Protoplasts", pág. 21-73, CRC Press, Boca Raton, 1985. La regeneración también puede obtenerse a partir de callos, explantes, órganos o partes de los mismos. Dichas técnicas de regeneración se describen, en general, en Klee *et al.* *Ann. Rev. of Plant Phys.* 38: 467-486 (1987).
- 35
- 40 El experto reconocerá que tras incorporar el casete de expresión de forma estable en plantas transgénicas y confirmarse que es operativo, se puede introducir en otras plantas mediante cruce sexual. Se puede usar cualquier número de técnicas de reproducción convencionales, dependiendo de la especie que se vaya a cruzar.
- 45 Los casetes de expresión de la de la invención se pueden usar para conferir resistencia a la sequía en esencialmente cualquier planta. Por lo tanto, la divulgación tiene uso en una amplia selección de plantas, incluyendo especies de los géneros *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Hetero-callis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Manihot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Oryza*, *Panicum*, *Pannasetum*, *Persea*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vitis*, *Vigna* y *Zea*. En algunos aspectos, la planta se selecciona del grupo que consiste en arroz, maíz, trigo, soja, algodón, canola, césped y alfalfa. En algunos aspectos, la planta es una planta ornamental. En algún aspecto, la planta es una planta productora de vegetales o frutas.
- 50
- 55 Los expertos en la materia reconocerán que se puede usar una serie de especies vegetales como modelos para predecir los efectos fenotípicos de la expresión del transgén en otras plantas. Por ejemplo, es bien reconocido que tanto las plantas de tabaco (*Nicotiana*) como las de *Arabidopsis* son modelos útiles de expresión de transgenes, en particular, en otras dicotiledóneas.
- 60 Las plantas de la divulgación tienen una mayor o menor sensibilidad al ácido abscísico en comparación con las plantas que, por lo demás, son idénticas a excepción de la expresión de PYR/PYL. La sensibilidad al ácido abscísico se puede controlar observando o midiendo cualquier fenotipo mediado por ABA. Los expertos en la materia reconocerán que el ABA es una hormona vegetal bien estudiada y que el ABA media muchos cambios en las características, cualquiera de los cuales puede controlarse para determinar si se ha modulado la sensibilidad al ABA.
- 65 En algunos aspectos, la sensibilidad al ABA modulada se manifiesta por la sincronización alterada de la germinación de la semilla o la tolerancia alterada al estrés (por ejemplo, a la sequía).

La resistencia a la sequía puede ensayarse de acuerdo con cualquiera de una serie de técnicas bien conocidas. Por ejemplo, las plantas se pueden cultivar en condiciones en las que se proporciona menos agua óptima a la planta. La resistencia a la sequía puede determinarse mediante cualquiera de una serie de medidas convencionales, incluyendo la presión de turgencia, el crecimiento, el rendimiento y similares. En algunos aspectos, se pueden usar convenientemente los métodos descritos en el apartado de ejemplos que se presenta a continuación.

Ejemplos

Los siguientes ejemplos se ofrecen para ilustrar, pero no para limitar la divulgación reivindicada.

Ejemplo 1: Modulación por PYR/PYL de la señalización de ABA

A diferencia de las selecciones bioquímicas para las proteínas de unión a ABA, los análisis genéticos enfocados en la percepción de ABA aún no han identificado proteínas que se asemejen a los receptores, lo que sugiere que el/los receptor/es pueden ser funcionalmente redundantes, tienen funciones superpuestas o no pueden mutar para producir gametos o plántulas viables. (P. McCourt, *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology* 50, 219 (1999)). Como metodología complementaria, los presentes inventores han seguido una estrategia genética química en plantas (Y. Zhao *et al.*, *Nat Chem Biol* 3, 716 (2007)). Dicha metodología puede ser ventajosa para organismos con genomas altamente redundantes, ya que la selectividad variable de moléculas pequeñas puede causar fenotipos no revelados por mutaciones de un solo gen (N. Raikhel, M. Pirrung, "PLANT PHYSIOLOGY" 138, 563 (2005); S. Cutler, P. McCourt, *Plant Physiol.* 138, 558 (2005)). Por ejemplo, un antagonista con baja selectividad puede perturbar la función de una familia completa de proteínas (como se observa con los antagonistas de microtúbulos), mientras que un agonista con alta selectividad puede iluminar la función de un miembro individual de receptores normalmente redundantes, como se describe en el presente documento con la pirabactina **3** (Figura 1A).

La pirabactina es un agonista de ABA selectivo de las semillas

Como parte de un esfuerzo anterior, se identificó un inhibidor de la germinación denominado pirabactina (Y. Zhao *et al.*, *Nat Chem Biol* 3, 716 (2007)). Al examinar la sensibilidad de los múltiples accesos silvestres a la pirabactina, se encontró que el tipo silvestre del laboratorio Cold Spring Harbor Lab, que es hipersensible e hiperlatente hacia ABA, también es hipersensible a la pirabactina, pero no a un análogo inactivo, la apirabactina **4** (Figura 1A). Esto sugiere que la pirabactina podría actuar a través de la vía de respuesta a ABA. Para ensayar esta hipótesis, se examinó la sensibilidad a la pirabactina de las líneas mutantes con alteración de la señalización de ABA, la biosíntesis o la percepción del ácido giberélico (GA). Se encontró que en la percepción de ABA, pero no la biosíntesis, los mutantes afectan a la sensibilidad a la pirabactina (Figura 1B). Además, una línea mutante *rgl2-1*, que no requiere el GA durante la germinación (S. Lee *et al.*, *Genes Dev.* 16, 646 (1 de marzo de 2002, 2002)), tiene sensibilidad normal a la pirabactina (Figura 1B). En conjunto, estas observaciones sugieren que la pirabactina inhibe la germinación mediante la activación de la vía de señalización de ABA, en lugar de la modulación de ABA o la biosíntesis de GA.

A continuación, se realizaron experimentos de micromatrices para evaluar la similitud de las respuestas de la transcripción inducidas por tratamientos con ABA y pirabactina. Para la micromatriz, se preparó tejido y se sembró ARN extraído de semillas de Columbia de tipo silvestre en medio MS 0,5X (~2.500 semillas por placa de 150 mm) que contenían ABA 1 μ M, pirabactina 25 μ M, 2,4-dinitrofenol (DNP) 25 μ M, cicloheximida 1 μ M, metotrexato 2 μ M o placas de control de DMSO al 1 % (todos los productos químicos se disuelven en DMSO). Las concentraciones utilizadas para estos experimentos se normalizaron para la actividad de inhibición de la germinación mediante análisis de curva de dosis, es decir, la cantidad de ambos compuestos requerida para garantizar una inhibición del 100 % de la germinación cuando se registra 3 días después de la imbibición. Los ABA (\pm estereoisómeros), DNP, cicloheximida y metotrexato se adquirieron en Sigma Aldrich. Las semillas se estratificaron durante 4 días y luego se incubaron a oscuras a temperatura ambiente durante 24 horas. Las semillas se recogieron y se congelaron en nitrógeno líquido, después se trituraron hasta formar polvo fino con un mortero congelado, tras lo que se extrajo el ARN total usando el kit RNAqueous (Ambion, Austin, EE.UU.) para el primer conjunto de muestras repetidas. Las extracciones subsiguientes de ARN se realizaron usando el protocolo de extracción en fenol-cloroformo, como se describe por (Y. Suzuki, T. Kawazu, H. Koyama, *Biotechniques*, 37, 542 (octubre de 2004)). Para cada muestra de ARN total, se cuantificó 1 μ l de ARN en 99 μ l de Tris-Cl 10 mM (pH 7,4) mediante el Calculador de ARN/ADN GeneQuant (GE Healthcare Bio-Sciences Corp.; New Jersey, EE.UU.), donde se tomaron mediciones de absorbancia a 260 nm y 280 nm. La pureza del ARN se evaluó mediante las proporciones de DO₂₆₀/DO₂₈₀ (solo se usaron proporciones entre 1,7 y 2,2), mientras que la calidad del ARN se evaluó mediante electroforesis en gel. Las muestras de ARN total se convirtieron en ARNc marcado con biotina usando cebado de oligo-dT como se describe por el fabricante (kit Enzo, Affymetrix, Santa Clara, EE.UU.) y se hibridaron a micromatrices ATH1 Affymetrix 22K en la CAGEF (Universidad de Toronto). Se hibridaron muestras biológicas duplicadas para DNP, cicloheximida y metotrexato, se triplicaron para el control y se hibridaron muestras cuádruples para los tratamientos con pirabactina y ABA. Los conjuntos de sondas con señales de expresión se denominaron presentes o marginales por los algoritmos estadísticos aplicados a los micromatrices como se describe para el algoritmo GCOS/MAS5.0 (Affymetrix, Santa Clara, EE.UU.). El análisis de significación de micromatrices se usó para identificar conjuntos de sondas que se regulan significativamente mediante tratamientos usando datos no registrados, con una falsa tasa de descubrimiento (FDR) en aproximadamente el 5 %. Los niveles medios de transcripción se compararon con los

valores de control para calcular el nivel de cambio, que, a su vez, se transformó \log_2 y se usó para calcular los coeficientes de correlación de Pearson entre experimentos.

Primero se examinaron las semillas tratadas con ambos compuestos durante 24 horas. Debido a los efectos inhibidores sobre el desarrollo de las plántulas, dos inhibidores cualquiera de la germinación compartirán algunas respuestas comunes; por lo tanto, los presentes inventores usaron un conjunto previamente definido de transcripciones sensibles a la germinación (G. W. Bassel *et al.*, *Plant Physiol* 147, 143 (2008)) para reducir al mínimo los efectos del desarrollo en sus comparaciones. Se identificaron 1.225 conjuntos de sondas como sensibles bien al ABA o a la pirabactina usando análisis de SAM (V. G. Tusher, R. Tibshirani, G. Chu, *Proc. Nat'l. Acad. Sci. EE.UU.* 98, 5116 (2001)), tras la eliminación de 403 transcripciones reguladas por la germinación. Las gráficas de dispersión que comparan la respuesta de una sonda a la pirabactina y al ABA demuestran respuestas muy correlacionadas ($r = 0,98$, Figura 1C), coincidiendo con la hipótesis de que la pirabactina activa la señalización de ABA. Como control, también se perfilaron los efectos de los tres inhibidores de la germinación (G. W. Bassel *et al.*, *Plant Physiol* 147, 143 (2008)) cicloheximida, metotrexato y 2,4-dinitrofenol, y se observaron correlaciones de transcripción-respuesta mucho más débiles en comparación con los tratamientos de ABA ($r = 0,36$, $0,73$ y $0,81$, respectivamente, cicloheximida mostrada en la Figura 1D). Esto demuestra que un efecto de desarrollo indirecto no es suficiente para dar cuenta de los efectos de la transcripción de tipo ABA de la pirabactina.

Para establecer si la pirabactina es un agonista de ABA general, se examinó su actividad en plántulas tratadas con cualquiera de los compuestos durante 24 horas, lo que demostró que la pirabactina induce una respuesta de ABA muy disminuida ($r = 0,72$) en los tejidos de plántulas. Para los experimentos de micromatrices de plántulas, se esterilizaron las semillas de Columbia de tipo silvestre superficialmente y se sembraron en 0,5 x MS, placas de agar al 0,6 % (p/v) (semillas de 15 mg, medio de 25 ml por placa de 150 mm), seguido de la estratificación durante 4 días a 4 °C y se cultivó bajo 24 h de luz a temperatura ambiente durante 9 días. A continuación, se transfirieron 40 plántulas a placas de control de DMSO, ABA 10 μM o pirabactina 33 μM , y se devolvieron al entorno de crecimiento durante otras 24 horas, tras lo que se extrajo el ARN total usando el método descrito anteriormente. Se hibridaron las muestras por triplicado por tratamiento. Las concentraciones usadas para los experimentos con las plántulas se basaron en las concentraciones de ABA o de pirabactina que se requieren para inhibir el crecimiento de raíces primarias en cantidades equivalentes, es decir, se normalizaron con respecto a una medida de la bioactividad. En estos experimentos, 57 transcripciones respondieron significativamente tanto a la pirabactina como al ABA, lo que sugiere que la pirabactina puede inducir aspectos de una respuesta de ABA en plántulas. Sin embargo, puesto que 3.021 transcripciones en este experimento mostraron una respuesta significativa a ABA, pero no a la pirabactina, se concluye que la pirabactina actúa con mayor selectividad por la vía de semillas en comparación con ABA. La pirabactina sí agoniza las respuestas de ABA en tejidos vegetativos.

La PYR1, una proteína START, es necesaria para la acción de la pirabactina

Para diseccionar el mecanismo de acción de la pirabactina, se aisló una colección de 16 líneas mutantes insensibles a la pirabactina a partir de una selección de ~450.000 semillas de M2 mutagenizadas por EMS. Se sembraron las semillas EMS esterilizadas superficialmente en medio MS 0,33X que contenía 25 μM de pirabactina (50 mg de semillas por placa de 150 mm). Las semillas se estratificaron durante 4 días a 4 °C y se cultivaron bajo luz constante durante 4 días a temperatura ambiente, tras lo que las placas se puntuaron para los mutantes resistentes al efecto de inhibición de la germinación de la pirabactina. Las plántulas con cotiledones completamente expandidos se consideraron resistentes, y todos los mutantes identificados como resistentes se volvieron a ensayar en la siguiente generación para identificar mutantes verdaderos. Se usó el alelo *pyr1-7* potente para cartografiar *Pyr1* usando una población de cartografía de ~400 plantas (creada a partir de la progenie de un cruce con Ler). Este delimitó *Pyr1* a un intervalo de ~150 Kb que contenía 12 genes. Primero se sugirió la identidad de *Pyr1* después de la secuenciación de los 12 genes en este intervalo y la identificación de un codón de parada en At4g17870 (*Pyr1*). Tras ello, se secuenció la secuencia de codificación de *Pyr1* para 14 de las 16 mutaciones aisladas y se determinaron 12 cepas independientes mediante clonación y secuenciación basadas en los mapas para contener mutaciones en el mismo locus, RESISTENCIA A LA PIRABACTINA 1 (*Pyr1*). *Pyr1* codifica una proteína que es un miembro de la superfamilia DE START/Bet v 1, cuyos miembros comparten una arquitectura conservada de sujeción helicoidal de unión al ligando (L. M. Iyer, E. V. Koonin, L. Aravind, "Proteins: Structure, Function, and Genetics" 43, 134 (2001); C. Radauer, P. Lackner, H. Breiteneder, *BMC Evol Biol* 8, 286 (2008)). PYR1 reside en una subfamilia de Bet v 1 similar a las poliQUÉTIDO sintasas/ciclasas bacterianas y otras proteínas no enzimáticas (C. Radauer, P. Lackner, H. Breiteneder, *BMC Evol Biol* 8, 286 (2008)). Hay 13 genes en el genoma de *Arabidopsis* que muestran una similitud significativa con *Pyr1* en las búsquedas de BLAST, que se han denominado PYL1-PYL13 (para el tipo PYR1, sus AGI se enumeran en la Tabla 1). Se predice que los alelos *pyr1* insensibles a la pirabactina aislados por los presentes inventores producen una variedad de defectos en PYR1, incluyendo los truncamientos y las sustituciones de aminoácidos no conservativas (Figura 2A). La transformación de una construcción de expresión 35S::GFP-PYR1 en la línea mutante *pyr1-1* potente restablece la sensibilidad a la pirabactina de las semillas (Figura 2C), lo que apoya aún más la idea de que PYR1 es necesario para la acción de la pirabactina. Ninguno de los alelos de *pyr1* aislados muestra una fuerte insensibilidad a ABA, lo que, como se describe a continuación, se explica por la acción de los familiares de *Pyr1* redundantes (incluyendo, pero sin limitación, *Py11,2,4*). Mediante la consulta de las bases de datos públicas de micromatrices (M. Schmid *et al.*, *Nat Genet* 37, 501 (2005); K. Nakabayashi, M. Okamoto, T. Koshiba, Y. Kamiya, E. Nambara, *Plant J* 41, 697 (marzo de 2005); H. Goda *et al.*, *Plant J* 55, 526 (agosto de 2008);

D. Winter *et al.*, *PLoS ONE* 2, e718 (2007); Y. Yang, A. Costa, N. Leonhardt, R. S. Siegel, J. I. Schroeder, *Plant Methods* 4, 6 (2008)) es evidente que el ARNm de *Pyr1* se expresa a un alto nivel en semillas y células protectora, y responde a ABA (Figura 2B), coincidiendo con un papel para PYR1 en la señalización de ABA.

5 Tabla 1. Miembros de la familia de PYR/PYL y las anotaciones correspondientes de la iniciativa del genoma de *Arabidopsis* (AGI)

Gen	AGI
Pyr1	AT4G17870
Pyl1	AT5G46790
Pyl2	AT2G26040
Pyl3	AT1G73000
Pyl4	AT2G38310
Pyl5	AT5G05440
Pyl6	AT2G40330
Pyl7	AT4G01026
Pyl8	AT5G53160
Pyl9	AT1g01360
Pyl10	AT4G27920
Pyl11	AT5G45860
Pyl12	AT5G45870
Pyl13	AT4G18620

Las proteínas PYR/PYL se unen a PP2C en respuesta a ABA

10 Dado que PYR1 es necesaria para la acción de la pirabactina y es una proteína de unión al ligando predicha, la hipótesis es que la pirabactina agoniza la señalización de ABA mediante la inducción de una interacción proteína-proteína entre PYR1 y un efector cadena abajo. Para ensayar esto, se exploraron ~2 millones de clones de ADNc de presa frente a una construcción de cebo PYR1 Y2H en medio que contenía pirabactina 10 μ M. Para crear la construcción de cebo PYR1 Y2H, se amplificó el marco de lectura abierto de *Pyr1* por PCR a partir de ADN genómico y se clonó al vector pGem-T easy (Promega). Después de la confirmación de la secuencia, se clonó el ORF de *Pyr1* en marco entre los sitios *EcoRI* y *Sall* del vector de pBD-GAL4 Cam (Stratagene) y se transformó en la cepa de levadura Y190. Para la exploración, se usó una biblioteca de ADNc de plántulas etioladas (J. Kim, K., Harter, A., Theologis, *Proc Natl Acad. Sci. EE.UU.*, 94, 11786 (28 de octubre de 1997)) (reserva CD4-22 de ABRC). Primero se convirtió la biblioteca de ADNc de fago en ADN de plásmido, produciendo $7,6 \times 10^7$ transformantes. Entonces, se usó el ADN de plásmido preparado a partir de la biblioteca para transformar Y190 como se describe en el manual de sistema de dos híbridos GAL4 (Stratagene). Para cada exploración, se transformaron 40 μ g de plásmido de presa en 1 ml de la célula Y190 que alberga la construcción de cebo y luego se cultivaron en placas de agar SD carentes de His, Leu y Trp, pero que contenían 3-AT 15 mM y pirabactina 10 μ M. Después de 4 días de incubación a 30 °C, se rescataron las colonias bien cultivadas y se validaron las interacciones usando un ensayo de elevación de filtro o un método de recubrimiento con cloroformo-agarosa y tinción con X-Gal. Esto identificó dos huellas dependientes de la pirabactina, que determinaron secuencialmente los ADNc codificados para la PP2C HAB1, un pariente cercano del factor de respuesta a ABA bien caracterizado ABI1 (A. Saez *et al.*, *The Plant Journal* 37, 354 (2004), N. Leonhardt *et al.*, "THE PLANT CELL" 16, 596 (2004)). A continuación, se cultivaron en placas las cepas Y2H que expresan una proteína de fusión AD-HAB1 y una proteína de fusión BD-PYR1 y se ensayaron en cuanto a las interacciones en respuesta a diversos compuestos, todos a 10 μ M excepto para epi-brasinólido (50 nM) y dimetilsulfóxido (DMSO) (vehículo disolvente, 1 %). Cuando se ensayaron las cepas Y2H de PYR1-HAB1 reactivas

a la pirabactina en (+)-ABA, se observaron interacciones fuertes por tinción de X-gal, pero ni (-)-ABA, cinetina, 2,4-D, ácido giberélico (GA), epi-brasinólido (BR), metil jasmonato (meJA) o apirabactina mostraron actividad (Figura 3A). Por lo tanto, PYR1 interactúa con HAB1 de un modo dependiente de (+)-ABA.

5 Para ver si la respuesta a ABA y a pirabactina es única para PYR1, se ensayaron 11 de las 13 proteínas PYL como se ha descrito anteriormente, usando cepas de Y2H que expresaban una proteína de fusión AD-HAB1 y una proteína de fusión BD-PYR/PYL (enumerada a la izquierda de la Figura 3A). Las proteínas de fusión BD-PYR/PYL se construyeron de la misma manera que para BD-PYR1 anterior. Este ensayo mostró que PYL1-PYL4 interacciona con HAB1 de una manera estimulada por ABA (Figura 3A). También se observan interacciones selectivas de ligandos para la pirabactina, que potencian interacciones entre HAB1 y PYR1, PYL1 o PYL3 (Figura 3A). De estos, solo *Pyr1* se transcribe a un alto nivel en las semillas, lo que probablemente explica por qué las mutaciones en *Pyr1* hacen que las semillas sean insensibles a la pirabactina. PYL2-PYL4 responde tanto a (+)-ABA como a (-)-ABA (Figura 3A), lo que sugiere que podrían participar en ambas respuestas a (+) y (-)-ABA. En particular, los PYL restantes ensayados en el ensayo de dos híbridos de levadura muestran interacciones constitutivas con HAB1, lo que sugiere que pueden tener diferentes umbrales para la interacción con las PP2C de PYR1 y PYL 1 a 4. Sin embargo, las interacciones de los PYL 5-12 con las PP2C son indicativas de que toda la familia de proteínas es probable que comparta un mecanismo similar de acción que implica la modulación de PP2C, como se describe a continuación. Por lo tanto, los presentes inventores llegaron a la conclusión de que toda la familia modula las respuestas de ABA a través de las interacciones con las PP2C.

20 Para investigar las respuestas de ABA/pirabactina más, se usó el ensayo de Y2H como se describe anteriormente para examinar tres proteínas mutantes de sustitución que causan potentes fenotipos insensibles a la pirabactina en las plantas. Dos de los mutantes ensayados, PYR1^{S152L} y PYR1^{P88S} reducen en gran medida las interacciones de PYR1-HAB1 inducidas por ABA, mientras que la mutación PYR1^{R157H} no afecta a la interacción (Figura 3B). HAB1 posee redundancia genética con ABI1, ABI2 y otras PP2C relacionadas (T. Yoshida *et al.*, "PLANT PHYSIOLOGY" 140, 115 (2006)). Por lo tanto, ABI1 y ABI2 ensayados en el ensayo de Y2H, usando ADNc validados con secuencias disponibles a nivel público para ABI1 y ABI2 (C104649 y U24491, respectivamente). Se observó que PYR1 interacciona con ABI1 y ABI2 de tipo silvestre, pero no con la proteína insensible a ABA ABI2^{G168D} codificada por *abi2-1* (Figura 3C). Por lo tanto, los restos importantes para la función de PYR1 y PP2C en plantas son importantes para la respuesta a ABA reconstituido en levadura. Estas interacciones *in vivo* entre PYR1 y PP2C probablemente se producen en el citoplasma y el nucleoplasma, como lo sugiere el patrón de localización observado para GFP-PYR1 (Figura 4).

Las proteínas PYR/PYL actúan redundantemente en la señalización de ABA

35 Para examinar si las proteínas PYL que responden a ABA actúan de forma redundante con PYR1 en la señalización de ABA, se aislaron alelos de inserción homocigóticos para PYL1, 2 y 4 de colecciones públicas de alelos de inserción (cepas de semillas = Salk_054640, GT_2864, Sail_517_C08, respectivamente) (J. M. Alonso *et al.*, *Science* 301, 653 (2003); A. Sessions *et al.*, "THE PLANT CELL" 14, 2985 (2002); V. Sundaresan *et al.*, "Genes and Development" 9, 1797 (1995)). Se cruzaron las líneas de inserción homocigóticas y *pyr1-1* para crear líneas heterocigóticas *pyr1-1:pyl2-1* y *pyl1-1:pyl4-1*, que luego se cruzaron entre sí. ~70 de la progenie de este cruce fueron genotipados por PCR para identificar los heterocigotos de las líneas para las 4 mutaciones, y se identificaron 2 plantas. Para evaluar si estas líneas segregaban plantas insensibles a ABA, se germinaron las semillas F2 de una planta heterocigótica cuádruple en (+)-ABA 0,7 μM. Se observó una amplia variación en la germinación y el crecimiento, y la mayoría de las plántulas resistentes a ABA se seleccionaron de ~1.000 semillas y se genotiparon mediante PCR y secuenciación. Ninguno de los padres mutantes homocigóticos individuales mostró una insensibilidad a ABA notable, pero tanto una línea mutante triple (*pyr1-1, pyl1-1, pyl4-1*) como cuádruple (*pyr1-1, pyl1-1, pyl2-1, pyl4-1*) mostraron insensibilidad a ABA. Se examinaron las respuestas de la raíz y la germinación de las líneas de mutantes cuádruples y triples en comparación con *abi1-1*, el mutante más potente insensible a ABA aislado hasta la fecha. Para los ensayos de germinación, las semillas se estratificaron en placas que contenían (+)-ABA en 0,33 x MS durante 4 días a 4 °C y después se germinaron a 23 °C a oscuras durante 3 días a una HR del 90 %. Las semillas que mostraban radicales de 1/2 longitud de semilla o más largas se puntuaron como positivas para la germinación. Para investigar el crecimiento de las raíces, se permitió que las semillas germinaran primero en placas de MS después de 4 días de estratificación y luego se transfirieron para que germinaran a 23 °C a oscuras con HR del 90 %. 48 horas después de la imbibición, se transfirieron plántulas que mostraban emergencia radical a placas que contenían (+)-ABA o control, se cultivaron verticalmente durante 4 días más a oscuras y luego se midió el nuevo crecimiento de la raíz. En los ensayos de germinación, el mutante cuádruple fue más insensible que el triple, pero ambos presentaron un fenotipo más débil que *abi1-1* (Figura 5A). En los ensayos de crecimiento de las raíces, las líneas mutantes cuádruple y triple mostraron una mayor insensibilidad a ABA que *abi1-1* (Figura 5B). La línea de mutante cuádruple también presenta defectos en la expresión génica inducida por ABA. Los experimentos cuantitativos de RT-PCR se realizaron como se ha descrito anteriormente (H. Fujii, *et al.*, *Plant Cell*, 19, 485 (2007)) usando sondas taqman idénticas a las descritas por Fujii *et al.* En resumen, las plántulas de 7 días de edad cultivadas bajo iluminación continua sobre placas de 0,3 x MS se transfirieron a 0,3 x MS que contenía vehículo disolvente (DMSO al 0,1 %) o (+)-ABA 100 μM durante 5 horas, después de lo que se aisló el ARN total usando el kit de aislamiento Qiagen plant RNeasy. Se usaron 5 μg de ARN total por 20 μl de reacción de síntesis de ADNc de primera cadena usando transcriptasa inversa SuperScript. Las reacciones se diluyeron hasta 100 μl con TE, y se

usaron 1,5 µl de estas en 15 µl de reacciones qRT-PCR usando sondas taqman descritas previamente (6). Los valores que se muestran son la medida de las mediciones por triplicado. Los mutantes cuádruples presentan una reducción de la transcripción de los genes que responden a ABA RD29 (Figura 2D), NCED3 (Figura 2E) y P5CS1 (Figura 2E) en presencia de (+)-ABA. Estos experimentos muestran que PYL1, PYL2 y PYL4 funcionan de manera redundante con PYR1 en el control de la expresión génica inducida por ABA, y la germinación y las respuestas radicales a ABA.

Reconstitución *in vitro* de la percepción de ABA: ABA y PYR1 inhiben la actividad de PP2C

Para explorar las implicaciones funcionales de la interacción de PYR1-PP2C, se examinó si se podía reconstituir una respuesta a ABA *in vitro*. Se expresaron GST-HAB1, GST-ABI1 y GST-ABI2 recombinantes en *E. coli* y se ensayaron las interacciones dependientes de los ligandos con 6xHis-PYR1 en ensayos de desplegables. Se combinaron 6xHis-PYR1 y GST-HAB1 purificados (20 y 100 µg respectivamente, concentración final de PYR1 8 µM), en 100 µl de TBS que contenía (+)-ABA 10 µM o DMSO al 1 % para el control negativo. La reacción se incubó durante 90 minutos a TA y se añadieron 5 µl de resina de purificación de proteínas marcada con His PrepEase (USB). Se incubaron la resina y la mezcla de reacción durante 30 minutos a TA con agitación suave a intervalos de 5 minutos. Se lavó la resina cinco veces con TBS que contenía (+)-ABA 10 µM. Después del lavado final, la proteína unida se eluyó en 20 µl de tampón SDS-PAGE, se hirvió durante 5 minutos y se centrifugó. Se analizaron 5 µl de sustancia luida en SDS-PAGE. Para los desplegables con ABI1 y ABI2, se usaron los lisados brutos en un método similar, a excepción de que la PP2C purificada se reemplazó por lisados de *E. coli* aclarados. Se determinó la cantidad de lisado añadida mediante análisis de SDS-PAGE para producir ~100 µg de PP2C, de manera que se usó la misma estequiometría que en los ensayos que usaron proteínas purificadas. Se encontró que tanto (+)-ABA como la pirabactina potencian las interacciones de PP2C con PYR1; sin embargo PYR1^{P88S} es insensible en este ensayo (Figura 6A).

Dado que ABI1 y sus parientes son reguladores negativos de la vía de señalización de ABA, se realizó la hipótesis de que la función de la interacción de PYR1-PP2C potenciada por ABA era la de inhibir la actividad de la fosfatasa y eliminar una entrada negativa en la vía, lo que podría potenciar la señalización. Para ensayar esta hipótesis, se examinaron los efectos de (+)-ABA en la cinética de la enzima PP2C usando GST-HAB1 recombinante, 6xHis-PYR1 o 6xHis-PYR1^{P88S} usando el sustrato fosfatasa pNPP. Se amplificó el ORF de HAB1 de *Arabidopsis* por PCR a partir de un clon pUni obtenido del ABRC y se clonó en pGex-2T para crear una proteína de fusión GST-HAB1. Ambas construcciones se transformaron en BL21[DE3]pLysS. Para la expresión, las células que albergan pGex-GST-HAB1 se cultivaron durante la noche en 20 ml de LB y luego se inocularon a 700 ml de medio que contenía MnCl₂ 1 mM y se continuó la incubación con agitación a TA durante 8 h. La expresión de la proteína se indujo entonces mediante la adición de IPTG a la concentración final de 0,5 mM, y las células se cultivaron durante la noche a TA. A continuación, se recogieron las células por centrifugación a 4.500 rpm durante 20 min, se volvieron a suspender en 10 ml de TBS que contenía MnCl₂ 10 mM. Las células se almacenaron a -80 °C. Para preparar lisados aclarados, las células se congelaron-descongelaron dos veces y la viscosidad del lisado se redujo por cizallamiento. El lisado se centrifugó a continuación a 12.000 x g durante 10 min para producir los lisados finales aclarados. Esto se aplicó a 1 ml de columna de glutatión inmovilizada, se lavó con 20 ml de TBS y luego se eluyó la proteína unida con glutatión reducido 20 mM. Se sometió a diálisis la sustancia eluida frente a TBS que contenía MnCl₂ 10 mM. MnCl₂ se usó a través de etapas de purificación y se encontró que era fundamental para la recuperación de la proteína HAB1 altamente activa, como se ha descrito anteriormente para otras PP2C (C. C. Fjeld, J. M. Denu, *J. Biol Chem*, 274, 20336 (16 de julio de 1999)). Se amplificaron las secuencias codificantes de PYR1 y PYR1^{P88S} por PCR a partir de ADN genómico de tipo silvestre o mutante *Pyr1-3* respectivamente, y se clonaron en pET28 para producir varias proteínas 6xHis-PYR1, que se validaron por secuenciación. Para las expresiones de la proteína 6xHis-PYR1 y 6xHis-PYR1^{P88S}, se inocularon 20 ml de un cultivo DE UNA noche a 700 ml de LB y se cultivó durante 3 horas MÁS a 37 °C con agitación. Se indujo la expresión de la proteína mediante la adición de IPTG a 1 mM. Las células se recogieron 5 horas más tarde por centrifugación durante 15 min a 5.000 x g y se volvió a suspender el sedimento en 5 ml del tampón A (NaH₂PO₄ 50 mM, NaCl 300 mM) que contenía imidazol 10 mM, pH 8,0). Las células se almacenaron a -80 °C antes de la purificación. Después de descongelar, se sonicaron las células en hielo cinco veces durante 30 segundos con intervalos de reposo de 30 segundos. Se obtuvo un lisado aclarado después de la centrifugación a 12.000 x g durante 10 min y se aplicó a 1 ml de columna de Ni-NTA (Qiagen), y se lavó con 20 volúmenes de columna de tampón A que contenía imidazol 30 mM. Se eluyó la proteína unida con 10 ml de tampón A con imidazol 100 mM. Se sometió a diálisis la sustancia eluida frente a TBS. Para el ensayo de pNPP, se realizaron las velocidades de reacción iniciales para GST-HAB1 usando el sustrato de fosfatasa sintético pNPP. Las reacciones contenían GST-HAB1 1 µM, 6xHis-PYR1 1,5 µM o 6xHis-PYR1^{P88S} y un tampón de reacción que consistía en Tris-OAc 33 mM, pH 7,9, KOAc 66 mM, BSA al 0,1 %, Mg(OAc)₂ 25 mM, PNPP 50 mM y concentraciones variables de (+)-ABA. Las reacciones se iniciaron mediante la adición de tampón de ensayo a mezclas de proteína/ABA. Inmediatamente después de la mezcla, se controlaron las reacciones para la hidrólisis de pNPP a A405 a intervalos de t ~10 segundos durante 20 minutos usando un lector de placas Wallac. Se representaron las progresiones de reacción, se calcularon las velocidades iniciales y se convirtieron en actividades específicas usando una curva patrón para el 4-nitrofenol preparado en los mismos volúmenes del sistema tampón/lector de placas usados para las mediciones de la reacción enzimática. Estos experimentos demuestran que (+)-ABA actúa como un potente inhibidor de la actividad fosfatasa de HAB1 (CI₅₀ = 0,18 µM) en presencia de PYR1, pero no de PYR1^{P88S} (Figura 6B).

De forma similar, ABA muestra una inhibición saturable de la actividad de PP2C de HAB1 en presencia de PYL4 recombinante. Se construyó una proteína marcada con PYL4 6xHis (SEQ ID NO: 141) usando un clon pUni público. Se recombinó esta en el vector de expresión marcado con His pHB3. Se expresó la construcción en BL21[DE3]pLysS como se ha descrito anteriormente para PYR1, pero la proteína formó cuerpos de inclusión, que se solubilizaron en tampón B + urea 8 M, antes de la purificación. La proteína se purificó en condiciones desnaturalizantes usando resina de Ni-NTA de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Después de la unión de la proteína a la resina, se lavó la columna con 20 volúmenes de tampón B (pH 6,3) y se eluyó la proteína usando tampón A (pH 4,5). Se sometió a diálisis la proteína eluida lentamente a partir de TBS que contenía urea 2 M, DTT 10 mM en TBS que contenía DTT 1 mM durante tres días, disminuyendo gradualmente la concentración de urea con el tiempo. Se validó la actividad de PYL4 replegada usando ensayos de desplegamiento *in vitro* desarrollados para PYR1, en los que se demostró que PYL4 se une a HAB1 en respuesta a ABA. Para los ensayos de PP2C, se usaron PYL4 recombinante (replegada a partir de cuerpos de inclusión) y HAB1. Cuando se midió la actividad de la fosfatasa para GST-HAB1 usando el sustrato de fosfatasa pNPP, se encontró que (+)-ABA inhibe la actividad de la fosfatasa de HAB1 en presencia de PYL4 (Figura 6C). Por lo tanto, la inhibición de PP2C es una respuesta a ABA primaria que puede reconstituirse *in vitro* con solo proteínas.

Discusión

Se ha demostrado que PYR1 tiene las propiedades esperadas de un receptor de ABA y que se une e inhibe la actividad de PP2C cuando el ligando está presente. En contraste con las proteínas de unión a ABA identificadas previamente (P. McCourt, R. Creelman, *Current Opinion in Plant Biology* 11, 474 (2008)), PYR1 interacciona directamente con los componentes centrales de la vía de señalización ABA. ABI1 interacciona con al menos un factor de acción positiva en la vía de respuesta a ABA (R. Yoshida *et al.*, *Journal of Biological Chemistry* 281, 5310 (2006)). Por lo tanto, puede ser que el papel de las PP2C de clase ABI1/AHG1 en ausencia de una señal es reprimir la acción de los factores de acción positiva. En este modelo, ABA funciona en el ápice de una vía de regulación negativa y la señal de control de las PP2C a través de sus dianas directas. Esto imbuye a las PP2C con un papel fundamental en el control de la selectividad de la señal de salida, lo que podría explicar la amplia diversificación de la familia de genes PP2C en las plantas en relación con los animales (A. Schweighofer, H. Hirt, I. Meskiene, 9, 236 (2004)). Basándose en la interacción de PP2C con proteínas SnRK2 y el papel fundamental de SnRK2 para la señalización de ABA (Figura 7), se ha propuesto el siguiente modelo para la acción de ABA, en el que ABA y PYR/PYL inhiben la PP2C, que a su vez alivia la represión de los factores positivos tales como los SnRK2. Esto, a su vez, permite que las cinasas SnRK2 positivas modulen la actividad de los factores cadena abajo a través de la fosforilación.

Los experimentos de los presentes inventores muestran que al menos 12 de los 14 miembros de la familia de genes PYR/PYL se unen a PP2C, y algunos miembros tales como PYL2, 3 y 4 permiten que las células de levadura respondan al estereoisómero (-)-ABA no natural. Los presentes inventores creen que toda la familia son receptores ABA y que algunos también pueden ser receptores (-)-ABA. Esta hipótesis coincide con las conclusiones anteriores de que ambos estereoisómeros actúan a través de la misma vía de señalización (E. Nambara *et al.*, *Genetics* 161, 1247 (julio de 2002)).

PYR1 es incapaz de unirse a las proteínas codificadas por *abi1-1* y *abi2-1*, que contienen ambas mutaciones en glicinas cerca de uno de los dos sitios de unión al metal PP2C conservados. Estas mutaciones reducen, pero no eliminan, la actividad de PP2C (F. Gosti *et al.*, *The Plant Cell* 11, 1897 (1999); N. Robert, S. Merlot, V. N'Guyen, A. Boisson-Dernier, J. I. Schroeder, *FEBS Letters* 580, 4691 (2006)) y una segunda mutación del sitio que suprime completamente la actividad catalítica de *abi1-1* suprime su fenotipo dominante (F. Gosti *et al.*, *The Plant Cell* 11, 1897 (1999)). Junto con las presentes observaciones sobre las interacciones de PYR1 defectuosas, estos datos sugieren un modelo en el que la dominancia de las mutaciones *abi1-1* y *abi2-1* procede de su capacidad para escapar de la regulación negativa por las proteínas PYR/PYL. En este modelo, una de las principales funciones de ABA es reducir la actividad de PP2C de clase ABI1/AHG1 a través de las proteínas PYR/PYL, pero esto no ocurre correctamente en las líneas mutantes *abi1-1* y *abi2-1*, que conservan suficiente actividad de PP2C después de la percepción de ABA para interrumpir la transducción de la señal.

La regulación de PP2C es poco conocida con respecto a otras clases de fosfatasa, lo que es sorprendente, dado su importante papel en mamíferos, gusanos, moscas y levaduras (G. Lu, Y. Wang, "Clinical and Experimental Pharmacology and Physiology" 35, 107 (2008)). Las presentes observaciones proporcionan un nuevo mecanismo para la regulación mediada por el receptor de la actividad de PP2C. Aunque se desconoce el mecanismo exacto de inhibición de PP2C por PYR1, la mutación PYR1^{R157H} es capaz de separar la percepción del ligando de las funciones cadena abajo *in vivo*. Este resto puede, por tanto, desempeñar un papel fundamental en las etapas que conducen a la inhibición de la actividad de PP2C después de la percepción de la señal. Independientemente de los detalles precisos de la inhibición de PP2C, el nuevo mecanismo regulador descubierto sugiere que puede valer la pena investigar la regulación de PP2C mediada por receptores en otros modelos, dada la escasez de factores reguladores para estas fosfatasas vitales.

La vía de señalización de ABA ha sido objeto de análisis genético durante casi 30 años, pero las proteínas PYR/PYL nunca aparecieron como factores necesarios para una respuesta a ABA en las selecciones genéticas. En

retrospectiva, esto es ahora evidente debido a la necesidad de un mutante triple para observar un fenotipo insensible a ABA. Sin embargo, cuando se usa pirabactina como un agonista sintético de la vía, se identificó *Pyr1* con facilidad. La razón de esto se debe a la selectividad de pirabactina por un subconjunto de toda la familia de receptores, que permitió eludir la redundancia genética que oscurece un fenotipo ABA en líneas mutantes simples. Por lo tanto, los presentes resultados demuestran el poder de la metodología genética química para revelar los fenotipos de los genes normalmente redundantes. Debido a que los genomas de las plantas son altamente redundantes, se espera que las metodologías de moléculas pequeñas proporcionen una poderosa adición al análisis genético clásico.

Ejemplo 2. Selecciones para los agonistas de PYR/PYL

A continuación, se investigó si otros compuestos además de ABA y pirabactina podrían actuar como agonistas de las proteínas PYR/PYL. Se pueden usar dos cepas híbridas de levadura que expresan receptores ABA y fosfatasa de proteína C de tipo 2 en los vectores apropiados para controlar la activación de los receptores ABA. Por lo tanto, estas cepas de levadura crean un sistema de detección fácil para la identificación de compuestos permeantes celulares que actúan como agonistas de ABA, es decir, compuestos que potencian la unión de miembros de la familia PYR/PYL a sus dianas de fosfatasa proteicas. Cuando las proteínas PYR/PYL están unidas a dianas de PP2C en el contexto de dos híbridos de levadura, se activa un gen indicador que, dependiendo de las cepas usadas, puede conducir a la expresión de una construcción indicadora tal como el marcador de LacZ/B-galactosidasa o un gen de indicador nutricional que permite el crecimiento en medios auxotróficos.

Para realizar estos ensayos con agonistas, se añaden compuestos de detección a pocillos de microtitulación y se añaden medios de crecimiento de levadura apropiados. A continuación, se siembran los pocillos con cepas de PYR/PYL-PP2C y se controla la actividad agonista después del crecimiento de las cepas en el medio que contiene producto químico. Se pueden usar numerosas metodologías para controlar la activación incluyendo el crecimiento simple (mediante la restauración de la expresión de un gen indicador nutricional) de ensayos colorimétricos de X-gal, que son bien conocidos en la técnica. También se puede usar un método de detección alternativo, denominado "Ensayo Halo", para identificar a los agonistas. En este ensayo, las cepas de levadura se pueden embeber en un medio de crecimiento adecuado que contiene agarosa y se pueden aplicar los productos químicos sobre placas usando un replicador de pasador. El medio de crecimiento, que carece de un nutriente necesario para el crecimiento, impide el crecimiento de levadura a menos que uno de los productos químicos de detección suministrados entre en la célula de levadura y active los receptores de PYR/PYL, lo que genera la expresión de los genes de marcador nutricional en la cepa de dos híbridos de levadura. Las células activadas aparecen como regiones de crecimiento celular y pueden identificarse fácilmente mediante inspección visual.

Usando una combinación de los ensayos convencionales y de halo como se ha descrito anteriormente, se ensayaron 65.000 compuestos de detección para la activación de cepas de dos híbridos de levadura que expresaban PYR1, PYL2, PYL3 o PYL4. Se volvieron a examinar los compuestos de activación que activaron cualquiera de las cepas de levadura en las 4 cepas de levadura y se evaluó la actividad cualitativamente usando ensayos de tinción con X-gal. Esto condujo a la identificación de los compuestos mostrados en la Figura 8. Las estimaciones de la actividad relativa de cada uno de estos compuestos en los receptores PYR/PYL PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 y PYL4 se representan en la Figura 8. Se observa que la cepa de levadura PYL3 usada en estos ensayos de detección es excepcionalmente sensible a ABA y, por lo tanto, la estimación de la actividad relativa de ABA u otros compuestos en el receptor PYL3 puede perfeccionarse realizando posteriormente ensayos de fosfatasa *in vitro*, descritos más adelante.

Como una validación adicional de los compuestos de activación identificados en el ensayo de dos híbridos de levadura, se utilizaron ensayos *in vitro* de PP2C realizados en presencia de proteínas receptoras PYR/PYL recombinantes PYR1, PYL1, PYL2 o PYL3 y PP2C HAB1. Las proteínas recombinantes se prepararon como se ha descrito anteriormente en el Ejemplo 1. Los ensayos de fosfatasa usando el sustrato de fosfatasa pNPP se realizaron como se describe en el Ejemplo 1. Como se demostró por los valores de CI_{50} , se encontró que el compuesto 7653159, que es el mismo compuesto que el compuesto 7 de la Figura 8, es un potente agonista de la inhibición de PYR1 y PYL1 de HAB1, pero no es un agonista para PYL2 o PYL3 (Figura 9). De igual manera, el compuesto 6655097, que es el mismo compuesto que el compuesto 6 de la Figura 8, es un potente agonista de la inhibición de PYR1 y PYL1 de HAB1, pero no es un agonista para PYL2 o PYL3 (Figura 9). El compuesto 7561035, que es el mismo compuesto que el compuesto 9 de la Figura 8, es un potente agonista de la inhibición de HAB1 de PYL2 y PYL3, pero no es un agonista para PYR1 ni para PYL1 (Figura 9).

Ejemplo 3: Análisis fenotípico de la sobreexpresión de PYR/PYL y plantas mutantes de pérdida de función

El ácido abscísico es una fitohormona multifuncional implicada en una variedad de funciones fitoprotectoras, incluyendo la latencia de los brotes, la latencia y/o maduración de las semillas, la ausencia de hojas y frutos y la respuesta a una amplia variedad de estreses biológicas (por ejemplo, frío, calor, salinidad y sequía). ABA también es responsable de regular el cierre estomatal mediante un mecanismo independiente de la concentración de CO_2 . Debido a que las proteínas receptoras PYR/PYL median la señalización de ABA, estos fenotipos se pueden modular modulando la expresión de PYR/PYL. Sin embargo, como se ha descrito anteriormente, los experimentos con plantas mutantes *Pyr/Pyl* simples, triples y cuádruples demuestran que los receptores PYL PYL1, 2 y 4 funcionan de

manera redundante con PYR1 en el control de la germinación y respuestas de las raíces a la función de ABA. En estos experimentos, los presentes inventores se preguntaban si otros receptores PYR/PYL funcionan de manera redundante con PYR1 en el control de las funciones fitoprotectoras de la planta, tales como tiempo de floración, estatura, contenido de clorofila y marchitez. Se usaron los mutantes cuádruples *pyr1;pyl1;pyl2,-pyl4* como se ha descrito anteriormente en el Ejemplo 1 para ensayar el efecto de pérdida de función de múltiples receptores PYR/PYL en estas funciones fitoprotectoras. Se encontró que los mutantes cuádruples *pyr1;-pyl1;-pyl2,-pyl4* presentan defectos en el tiempo de floración, en la estatura y en la marchitez (Figura 10). En relación con una planta de control de *Arabidopsis*, los mutantes cuádruples *pyr1;pyl1;pyl2,pyl4* florecen temprano, son de menor estatura y tienen mucha marchitez. También se examinó el efecto sobre las funciones fitoprotectoras de la sobreexpresión del receptor de PYR/PYL PYL4. Se generaron plantas transgénicas de *Arabidopsis* que expresaban GFP-PYL4 bajo el control del promotor de alta expresión Rbcs, y se encontró que las plantas que sobreexpresan PYL4 presentan defectos en el momento de floración, en la estatura, en la marchitez y en el contenido de clorofila de las plantas; con respecto a las plantas de control, estas plantas que sobreexpresan PYL4 florecen más tarde, son de color verde más oscuro y marchitan menos (Figura 10). Estos resultados demuestran que los receptores PYR/PYL modulan una amplia variedad de actividades mediadas por ABA en las plantas.

Ejemplo 4: Selecciones de extractos vegetales para agonistas de PYR/PYL

También se usaron las cepas de levadura que expresan los receptores PYR/PYL y las fosfatasa de la proteína C de tipo 2 para explorar los extractos de plantas fraccionadas por HPLC para detectar la presencia de compuestos endógenos que activan los receptores PYR/PYL PYR1, PYL2, PYL3 y/o PYL4. Se usó el fraccionamiento por HPLC de los extractos para identificar compuestos diferentes del ácido abscísico (el agonista conocido). Esto condujo a la identificación de un agonista selectivo de PYL3/PYL4 en extractos hechos de tejidos aéreos de *Hypericum perforatum*. La purificación del agonista se consiguió a través de múltiples series de separación cromatográfica acopladas a ensayos de dos híbridos de levadura que informaron a las fracciones para avanzar en cada paso de la purificación. La estructura del agonista purificado se dedujo por cristalografía de rayos X del agonista cristalino purificado. Esto reveló que el compuesto era el compuesto previamente conocido ácido artemisinínico. Este compuesto no ha sido presentado fuera del género *Artemisia* (*Asteraceae*) y nuestro aislamiento de este compuesto de *Hypericum* (*Clusiaceae*) sugiere que el compuesto puede tener una presencia generalizada en las plantas, coincidiendo con un papel funcionalmente importante para la fisiología de las plantas. Se obtuvieron varios compuestos relacionados a partir de fuentes comerciales, y también se encontró que poseían actividad agonista selectiva hacia PYL3/PYL4 (Figura 12). Siguiendo una metodología similar a la descrita anteriormente para el ácido artemisinínico, se identificó un segundo agonista de ABA de origen natural a partir de semillas de *Cola acumolata* y se identificó mediante RMN 2D como un derivado no descrito anteriormente de alfa-copaeno, ácido copaenoico (Figura 12).

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Cutler, Sean R. Park, Sang-Youl Defries, Andrew The Regents of the University of California

<120> Control de la tolerancia al estrés, eficiencia del uso de agua y expresión génica en plantas mediante el uso de nuevas proteínas receptoras de ABA y agonistas sintéticos

<130> 023070-195410PC

<140> WO PCT/US10/Aún no asignada

<141> Aún no asignada

<150> US 61/207.684

<151> 13-02-2009

<160> 141

<170> FastSEQ para Windows Versión 4.0

<210> 1

<211> 21

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE

<222> (1)...(21)

<223> Xaa = cualquier aminoácido

ES 2 625 891 T3

<400> 1

Xaa Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15
 Phe Xaa Xaa Xaa Cys
 20

5

<210> 2
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Brassica oleracea*

10

<220>
 <223> proteína de la familia ciclasa/deshidrasa de Streptomyces de col, locus 40.t00062

15

<400> 2

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

20

<210> 3
 <211> 281
 <212> PRT
 <213> *Brassica oleracea*

25

<220>
 <223> proteína de la familia ciclasa/deshidrasa de Streptomyces de col, locus 23.t00047

<400> 3

ES 2 625 891 T3

```

Met Pro Ser Glu Leu Thr Gln Glu Glu Arg Ser Lys Leu Thr Gln Ser
 1      5      10
Ile Ser Glu Phe His Thr Tyr His Leu Gly Pro Gly Ser Cys Ser Ser
      20      25      30
Leu His Ala Gln Arg Ile His Ala Pro Pro Glu Ile Val Trp Ser Val
      35      40      45
Val Arg Gln Phe Asp Lys Pro Gln Thr Tyr Lys His Phe Ile Lys Ser
      50      55      60
Cys Ser Val Glu Glu Gly Phe Glu Met Arg Val Gly Cys Thr Arg Asp
65      70      75      80
Val Ile Val Ile Ser Gly Leu Pro Ala Asn Thr Ser Thr Glu Arg Leu
      85      90      95
Asp Met Leu Asp Asp Glu Arg Arg Val Thr Gly Phe Ser Ile Ile Gly
      100      105      110
Gly Glu His Arg Leu Lys Asn Tyr Lys Ser Val Thr Thr Val His Arg
      115      120      125
Phe Glu Arg Glu Arg Arg Ile Trp Thr Val Val Leu Glu Ser Tyr Val
      130      135      140
Val Asp Met Pro Glu Gly Asn Ser Glu Asp Asp Thr Arg Met Phe Ala
145      150      155      160
Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Thr Val Thr Glu
      165      170      175
Ala Met Ala Arg Asn Ala Gly Asp Gly Arg Gly Ser Arg Glu Thr Thr
      180      185      190
Cys Arg Glu Ser Phe His Leu Ile Thr Ala Phe Glu Lys Gln Arg Gln
      195      200      205
Ile Thr Glu Pro Thr Val Tyr Gln Asn Pro Pro Tyr His Thr Gly Met
      210      215      220
Thr Pro Glu Pro Arg Thr Ser Thr Val Phe Ile Glu Leu Glu Asp His
225      230      235      240
Arg Thr Leu Pro Gly Asn Leu Thr Pro Thr Thr Glu Glu His Leu Gln
      245      250      255
Arg Met Tyr Gln Arg Phe Trp Gly Ile Arg Gln Leu Gln Arg Pro Arg
      260      265      270
Gln Ser Phe Gly Glu Arg Gln Ser Ile
      275      280

```

<210> 4
 <211> 453
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00015766001

10

<400> 4

ES 2 625 891 T3

Met Gln Met Lys Tyr Leu Glu Gly Lys Gln Asn Leu Met Glu Glu Lys
1 5 10 15
Gly Glu Lys Gln Cys Ile Pro Met Asp Leu Ala Val Arg Glu Ala Gln
20 25 30
Phe Lys Gly Ser Leu Leu Asp Arg Ile Thr Trp Leu Glu Gln Arg Leu
35 40 45
His Lys Leu Ser Leu Gln Leu Glu Thr Arg Ser Lys Gln Gln Pro His
50 55 60
Pro Ser Arg Met Gln Thr Ala Gly Glu Thr Ser Ser Arg His Gly Pro
65 70 75 80
Lys Lys Glu Leu Ser Cys Ser Phe Pro Val Phe Ser Thr Arg Asn His
85 90 95
Asn His Gly His Lys Gln Thr Ser Gln Phe His Val Pro Arg Phe Glu
100 105 110
Tyr Gln Glu Gly Gly Arg Glu Asn Pro Ala Val Val Ile Thr Lys Leu
115 120 125
Thr Pro Phe His His Pro Lys Ile Ile Thr Ile Leu Phe Pro Ile Ser
130 135 140
Asn Tyr Phe Ile Ile Phe Phe Phe Leu Thr Phe Asp Thr Lys Lys Gln
145 150 155 160
Tyr Pro Leu Leu Phe Pro Ile Leu Pro Ser Arg Phe Leu Pro Ile Ser
165 170 175
His Leu Ile Thr Gln Glu Ile Glu Lys Tyr Lys Thr Ser Ser His Phe
180 185 190
Ser Ser Pro Ala Ser Leu Phe Ala Ala Met Asn Lys Ala Glu Thr Ser
195 200 205
Ser Met Ala Glu Ala Glu Ser Glu Asp Ser Glu Thr Thr Thr Pro Thr
210 215 220
Thr His His Leu Thr Ile Pro Pro Gly Leu Thr Gln Pro Glu Phe Gln
225 230 235 240
Glu Leu Ala His Ser Ile Ser Glu Phe His Thr Tyr Gln Val Gly Pro
245 250 255
Gly Gln Cys Ser Ser Leu Leu Ala Gln Arg Val His Ala Pro Leu Pro
260 265 270
Thr Val Trp Ser Val Val Arg Arg Phe Asp Lys Pro Gln Thr Tyr Lys
275 280 285
His Phe Ile Lys Ser Cys His Val Glu Asp Gly Phe Glu Met Arg Val
290 295 300
Gly Cys Leu Arg Asp Val Asn Val Ile Ser Gly Leu Pro Ala Glu Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Arg Leu Asp Ile Leu Asp Asp Glu Arg His Val Thr Gly
325 330 335
Phe Ser Ile Ile Gly Gly Glu His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val
340 345 350
Thr Thr Asn His Gly Gly Glu Ile Trp Thr Val Val Leu Glu Ser Tyr
355 360 365
Val Val Asp Met Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp Thr Arg Leu Phe
370 375 380
Ala Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Ser Val Thr
385 390 395 400
Glu Val Ser Gln Ser Cys Asn Tyr Pro Cys Gln Phe His Ile Ile Glu
405 410 415
Asn Glu Asp Ile Gln Pro Glu Glu Met Asn Leu Gly Val Leu Thr Thr
420 425 430
Ser Ile Glu Glu Gln Arg Lys Lys Lys Arg Val Val Ala Met Lys Asp

ES 2 625 891 T3

```

Met Glu Lys Ala Glu Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ser Asp Gln Asp Ser
 1      5      10
Asp Glu Asn His Arg Thr Gln His His Leu Thr Leu Pro Ser Gly Leu
      20      25      30
Arg Gln His Glu Phe Asp Ser Leu Ile Pro Phe Ile Asn Ser His His
      35      40      45
Thr Tyr Leu Ile Gly Pro Asn Gln Cys Ser Thr Leu Leu Ala Gln Arg

      50      55      60
Ile His Ala Pro Pro Gln Thr Val Trp Ser Val Val Arg Ser Phe Asp
65      70      75      80
Lys Pro Gln Ile Tyr Lys His Ile Ile Lys Ser Cys Ser Leu Lys Glu
      85      90      95
Gly Phe Gln Met Lys Val Gly Cys Thr Arg Asp Val Asn Val Ile Ser
      100      105      110
Gly Leu Pro Ala Ala Thr Ser Thr Glu Arg Leu Asp Val Leu Asp Asp
      115      120      125
Glu Arg Arg Val Thr Gly Phe Ser Ile Ile Gly Gly Glu His Arg Leu
      130      135      140
Lys Asn Tyr Arg Ser Val Thr Ser Val His Gly Phe Gly Asp Gly Asp
145      150      155      160
Asn Gly Gly Glu Ile Trp Thr Val Val Leu Glu Ser Tyr Val Val Asp
      165      170      175
Val Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp Thr Arg Leu Phe Ala Asp Thr
      180      185      190
Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Ser Val Thr Glu Gly Lys
      195      200      205
Asn Arg Asp Gly Asp Gly Lys Ser His
      210      215

```

<210> 7
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética conservada del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz
 Os10g0573400, proteína de la familia ciclasa/deshidrasa potencial

10

<400> 7

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 8
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> proteína de la familia ciclasa/deshidrasa de clon 306819 del maíz

10

<400> 8

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 9

<211> 212

5 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

10 <223> proteína de la familia ciclasa/deshidrasa de clon 241996 del maíz

<221> VARIANTE

<222> (11)...(11)

<223> Xaa = Lys o Glu

15 <400> 9

```

Met Asp Gln Gln Gly Ala Gly Gly Asp Ala Xaa Val Pro Ala Gly Leu
 1      5      10      15
Gly Leu Thr Ala Ala Glu Tyr Glu Gln Leu Arg Ser Thr Val Asp Ala
      20      25      30
His His Arg Tyr Ala Val Gly Glu Gly Gln Cys Ser Ser Leu Leu Ala
      35      40      45
Gln Arg Ile His Ala Pro Pro Glu Ala Val Trp Ala Val Val Arg Arg
      50      55      60
Phe Asp Cys Pro Gln Val Tyr Lys His Phe Ile Arg Ser Cys Ala Leu
65      70      75      80
Arg Pro Asp Pro Glu Ala Gly Asp Ala Leu Cys Pro Gly Arg Leu Arg

```

ES 2 625 891 T3

				85					90				95		
Glu	Val	Ser	Val	Ile	Ser	Gly	Leu	Pro	Ala	Ser	Thr	Ser	Thr	Glu	Arg
			100					105					110		
Leu	Asp	Leu	Leu	Asp	Asp	Ala	Ala	Arg	Val	Phe	Gly	Phe	Ser	Ile	Thr
		115					120					125			
Gly	Gly	Glu	His	Arg	Leu	Arg	Asn	Tyr	Arg	Ser	Val	Thr	Thr	Val	Ser
	130					135					140				
Glu	Leu	Ala	Asp	Pro	Ala	Ile	Cys	Thr	Val	Val	Leu	Glu	Ser	Tyr	Val
145					150					155					160
Val	Asp	Val	Pro	Asp	Gly	Asn	Thr	Glu	Asp	Asp	Thr	Arg	Leu	Phe	Ala
			165						170					175	
Asp	Thr	Val	Ile	Arg	Leu	Asn	Leu	Gln	Lys	Leu	Lys	Ser	Val	Thr	Glu
		180						185					190		
Ala	Asn	Ala	Ala	Glu	Ala	Ala	Ala	Thr	Thr	Asn	Ser	Val	Leu	Leu	Pro
		195				200						205			
Arg	Pro	Ala	Glu												
	210														

<210> 10
 <211> 233
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00032173001

10

<400> 10

ES 2 625 891 T3

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

<210> 11
 <211> 207
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína de tipo alérgeno Ber vi del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz

10

<400> 11

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 12
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética Osl_06433 del cultivar 93-11, grupo del cultivar Indica del arroz

10

<400> 12

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

145          150          155          160
Val Val Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Glu
          165          170          175
Glu Asp Thr Arg Met Phe Thr Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln
          180          185          190
Lys Leu Ala Ala Val Ala Thr Ser Ser Ser Pro Pro Ala Ala Gly Asn
          195          200          205
His His
          210

```

5 <210> 13
 <211> 200
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

10 <220>
 <223> cepa B73 del maíz, proteína desconocida de clon ZM_BFb0151H07

<400> 13

```

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

```

15 <210> 14
 <211> 215
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

20 <220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT0003790001

<400> 14

ES 2 625 891 T3

```

Met Pro Ser Asn Pro Pro Lys Ser Ser Leu Val Val His Arg Ile Asn
 1      5      10      15
Ser Pro Asn Ser Ile Thr Thr Ala Thr Thr Ala Ser Ala Ala Asn
      20      25      30
Asn His Asn Thr Ser Thr Met Pro Pro His Lys Gln Val Pro Asp Ala

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

```

<210> 15
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> *Nicotiana tabacum*

5

<220>
 <223> proteína hipotética c17 de la línea celular BY-2 del tabaco común

10

<400> 15

ES 2 625 891 T3

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

<210> 16
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética Osl_04285 del cultivar 93-11, grupo de cultivar Indica del arroz

10

<400> 16

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 17
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína de tipo alérgeno Bet v I de clon B1088C09, del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 17

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      130              135              140
His Glu Ala Ala Ala Pro Ala Met Ala Val Val Val Glu Ser Tyr Val
145              150              155              160
Val Asp Val Pro Pro Gly Asn Thr Trp Glu Glu Thr Arg Val Phe Val
      165              170              175
Asp Thr Ile Val Arg Cys Asn Leu Gln Ser Leu Ala Arg Thr Val Glu
      180              185              190
Arg Leu Ala Pro Glu Ala Pro Arg Ala Asn Gly Ser Ile Asp His Ala
      195              200              205

```

5 <210> 18
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> *Picea sitchensis*

10 <220>
 <223> Proteína desconocida de clon WS0276_P02, cultivar FB3-425 de píceas de Sitka

<400> 18

```

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

```

15 <210> 19
 <211> 207
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

20 <220>
 <223> proteína de la familia de alérgeno Ber v I, proteína hipotética Os06g0562200 del cultivar Nipponbare (GA3), grupo de cultivar Japonica del arroz

<400> 19

ES 2 625 891 T3

Met Glu Ala His Val Glu Arg Ala Leu Arg Glu Gly Leu Thr Glu Glu
 1 5 10 15

Glu Arg Ala Ala Leu Glu Pro Ala Val Met Ala His His Thr Phe Pro
 20 25 30

Pro Ser Thr Thr Thr Ala Thr Thr Ala Ala Ala Thr Cys Thr Ser Leu
 35 40 45

Val Thr Gln Arg Val Ala Ala Pro Val Arg Ala Val Trp Pro Ile Val
 50 55 60

Arg Ser Phe Gly Asn Pro Gln Arg Tyr Lys His Phe Val Arg Thr Cys
 65 70 75 80

Ala Leu Ala Ala Gly Asp Gly Ala Ser Val Gly Ser Val Arg Glu Val
 85 90 95

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

Met Leu Asp Asp Asp Arg His Ile Ile Ser Phe Arg Val Val Gly Gly
 115 120 125

Gln His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val Thr Ser Val Thr Glu Phe
 130 135 140

Gln Pro Pro Ala Ala Gly Pro Gly Pro Ala Pro Pro Tyr Cys Val Val
 145 150 155 160

Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Ala Glu Asp
 165 170 175

Thr Arg Met Phe Thr Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Met Leu
 180 185 190

Ala Ala Val Ala Glu Asp Ser Ser Ser Ala Ser Arg Arg Arg Asp
 195 200 205

<210> 20
 <211> 216
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína de la familia de alérgeno Ber v I, proteína hipotética del cultivar Os05g0473000 Nipponbare (GA3), grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 20

ES 2 625 891 T3

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

210

215

5 <210> 21
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

10 <220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00029635001
 <400> 21

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 22
 <211> 218
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> proteína de la familia ciclasa/deshidrasa de clon 1678999 del maíz

10

<400> 22

```

Met Pro Cys Leu Gln Ala Ser Ser Pro Gly Ser Met Pro Tyr Gln His
1          5          10          15
His Gly Arg Gly Val Gly Cys Ala Ala Glu Ala Gly Ala Ala Val Gly
20          25          30
Ala Ser Ala Gly Thr Gly Thr Arg Cys Gly Ala His Asp Gly Glu Val
35          40          45
Pro Ala Glu Ala Ala Arg His His Glu His Ala Ala Pro Gly Pro Gly
50          55          60
Arg Cys Cys Ser Ala Val Val Gln Arg Val Ala Ala Pro Ala Glu Ala
65          70          75          80
Val Trp Ser Val Val Arg Arg Phe Asp Gln Pro Gln Ala Tyr Lys Arg

```

ES 2 625 891 T3

```

                85                90                95
Phe Val Arg Ser Cys Ala Leu Leu Ala Gly Asp Gly Gly Val Gly Thr
                100                105                110
Leu Arg Glu Val Arg Val Val Ser Gly Leu Pro Ala Ala Ser Ser Arg
                115                120                125
Glu Arg Leu Glu Val Leu Asp Asp Glu Ser His Val Leu Ser Phe Arg
                130                135                140
Val Val Gly Gly Glu His Arg Leu Gln Asn Tyr Leu Ser Val Thr Thr
145                150                155                160
Val His Pro Ser Pro Ala Ala Pro Asp Ala Ala Thr Val Val Val Glu
                165                170                175
Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Pro Gly Asn Thr Pro Glu Asp Thr Arg
                180                185                190
Val Phe Val Asp Thr Ile Val Lys Cys Asn Leu Gln Ser Leu Ala Thr
                195                200                205
Thr Ala Glu Lys Leu Ala Leu Ala Ala Val
                210                215

```

5 <210> 23
 <211> 179
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

10 <220>
 <223> proteína predicha de ecotipo Gransden 2004 del musgo *Physcomitrella patens* subespecie patens, locus PHYPADRAFT_222359

<400> 23

```

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

```

15 <210> 24
 <211> 229
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

20 <220>

ES 2 625 891 T3

<223> proteína hipotética Osl_ 11160 del cultivar 93-11, grupo de cultivar Indica del arroz

<400> 24

```

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

```

5

<210> 25

<211> 229

<212> PRT

10 <213> *Oryza sativa*

<220>

<223> Proteína de la familia del alérgeno Bet v I, proteína hipotética Os03g0297600 del cultivar Nipponbare (GA3), grupo de cultivar Japonica del arroz

15

<400> 25

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 26

<211> 205

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<220>

<223> proteína desconocida del carretón, clon MTYFP_FQ_FR_FS1G-H-19

<400> 26

5

10

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 27
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> factor de unión a elemento rico en AT 3 de clon 1458362 del maíz

10

<400> 27

```

Met Pro Phe Ala Ala Ser Arg Thr Ser Gln Gln Gln His Ser Arg Val
 1          5          10          15
Ala Thr Asn Gly Arg Ala Val Ala Val Cys Ala Gly His Ala Gly Val
      20          25          30
Pro Asp Glu Val Ala Arg His His Glu His Ala Val Ala Ala Gly Gln

```

ES 2 625 891 T3

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

<210> 28
 <211> 233
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> cepa B73 del maíz, proteína desconocida de clon ZM_BFb0105018

10

<400> 28

ES 2 625 891 T3

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

225

230

<210> 29
 <211> 194
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

5

<220>
 <223> proteína hipotética predicha de ecotipo Gransden 2004 del musgo *Physcomitrella patens* subespecie
 patens, locus PHYPADRAFT_209242

10

<400> 29

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 30
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00035869001

10

<400> 30

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

          100              105              110
Val Ile Gly Gly Asp His Arg Leu Ala Asn Tyr His Ser Thr Leu Thr
          115              120              125
Leu His Glu Asp Glu Glu Asp Gly Val Arg Lys Thr Val Val Met Glu
          130              135              140
Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Gly Gly Asn Ser Ala Gly Glu Thr Cys
145          150          155          160
Tyr Phe Ala Asn Thr Ile Ile Gly Phe Asn Leu Lys Ala Leu Ala Ala
          165          170          175
Val Thr Glu Thr Met Ala Leu Lys Ala Asn Ile Pro Ser Gly Phe
          180          185          190

```

5 <210> 31
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

10 <220>
 <223> proteína hipotética predicha de ecotipo Gransden 2004 del musgo *Physcomitrella patens* subespecie patens, locus PHYPADRAFT_132509

<400> 31

```

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

```

15 <210> 32
 <211> 195
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

20 <220>

ES 2 625 891 T3

<223> proteína hipotética predicha de ecotipo Gransden 2004 del musgo *Physcomitrella patens* subespecie patens, locus PHYPADRAFT_213389

<400> 32

5

```

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

```

<210> 33

<211> 172

10

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<223> proteína hipotética de clon ETAV 115 del cultivar Pinot Noir de la vid, locus VITISV_004947

15

<400> 33

ES 2 625 891 T3

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

<210> 34
 <211> 196
 <212> PRT
 <213> *Picea sitchensis*

5

<220>
 <223> Cultivar FB3-425 de picea Sitka, proteína desconocida clon WS0281_I24

10

<400> 34

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 35

<211> 185

5 <212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<220>

10 <223> proteína de tipo CAPIP1 de clon 153D02 de cultivar Kuras de la patata, similar a proteína antimicrobiana de *Capsicum annuum* (CAPIP1)

<400> 35

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      130              135              140
Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Ile Asn
145              150              155              160
Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ala Asp Ile Ser Glu Arg Val Ala Val Gln
      165              170              175
Asp Arg Thr Glu Pro Ile Asp Gln Val
      180              185

```

5 <210> 36
 <211> 190
 <212> PRT
 <213> *Medicago truncatula*

10 <220>
 <223> proteína desconocida del carretón, clon MTYFP_FQ_FR_FS1G-E-17
 <400> 36

```

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

```

15 <210> 37
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

20 <220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00002440001
 <400> 37

ES 2 625 891 T3

```

Met Ser Gly Tyr Gly Cys Ile Lys Met Glu Asp Glu Tyr Ile Arg Arg
 1      5      10      15
His His Arg His Glu Ile Arg Asp Asn Gln Cys Ser Ser Ser Leu Val
 20      25      30
Lys His Ile Lys Ala Pro Val His Leu Val Trp Ser Leu Val Arg Ser
 35      40      45
Phe Asp Gln Pro Gln Lys Tyr Lys Pro Phe Val Ser Arg Cys Ile Val
 50      55      60
Gln Gly Asp Leu Glu Ile Gly Ser Val Arg Glu Val Asn Val Lys Ser

65      70      75      80
Gly Leu Pro Ala Thr Thr Ser Thr Glu Arg Leu Glu Leu Leu Asp Asp
 85      90      95
Glu Glu His Ile Phe Gly Met Arg Ile Val Gly Gly Asp His Arg Leu
 100      105      110
Lys Asn Tyr Ser Ser Ile Val Thr Val His Pro Glu Ile Ile Asp Gly
 115      120      125
Arg Pro Gly Thr Leu Val Ile Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro Asp
 130      135      140
Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Ile Lys
 145      150      155      160
Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ala Asp Val Ser Glu Arg Leu Ala Ile Gln
 165      170      175
Asp Arg Thr Glu Pro Ile Asp Arg Met
 180      185

```

<210> 38
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00006507001

10

<400> 38

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 39
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_21703 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 39

Met Glu Ala His Val Glu Arg Ala Leu Arg Glu Gly Leu Thr Glu Glu

ES 2 625 891 T3

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

<210> 40
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> *Capsicum annum*

5

<220>
 <223> proteína antimicrobiana CAPIP1 del cultivar hanbyul del pimiento

10

<400> 40

ES 2 625 891 T3

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

<210> 41

<211> 186

5 <212> PRT

<213> *Populus trichocarpa*

<220>

10 <223> proteína desconocida de clon PX0011_H13 de Cultivar 383-2499 (Nisqually-1) de álamo balsámico del oeste

<400> 41

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 42

<211> 185

<212> PRT

<213> *Capsicum annuum*

5

<220>

<223> proteína antimicrobiana PIP1 (CAPIP1) del cultivar hanbyul del pimiento

10

<400> 42

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Ile Asn
145          150          155          160
Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ala Asp Val Ser Glu Arg Leu Ala Val Gln
          165          170          175
Asp Arg Thr Glu Pro Ile Asp Gln Val
          180          185
    
```

5 <210> 43
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> *Populus trichocarpa* x *Populus deltoides*

10 <220>
 <223> proteína desconocida de clon WS0133-I04 del cultivar H11-11 del álamo balsámico del oeste x álamo balsámico del este

<400> 43

```

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

15 <210> 44
 <211> 188
 <212> PRT
 <213> *Pisum sativum*

20 <220>
 <223> factor de unión a elemento rico en AT (ATF3, PsATF) del guisante, factor de transcripción potencial para PsCHS1

25 <400> 44

ES 2 625 891 T3

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

<210> 45
 <211> 177
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> producto proteico sin nombre del cultivar PN40024 de la vid, locus GSVIVT00027009001

10

<400> 45

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 46
 <211> 178
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> proteína hipotética de clon ETAV 115 del cultivar Pinot Noir de la vid, locus VITISV_004915

10

<400> 46

```

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

```

15

ES 2 625 891 T3

<210> 47
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> *Arachis hypogaea*

5

<220>
 <223> proteína inducida por patogénesis del cacahuete (PIP, AhPIP)

10

<221> VARIANTE
 <222> (162)...(162)
 <223> Xaa = Asp, ASn, Tyr o His

<400> 47

```

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

15

<210> 48
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

20

<220>
 <223> factor de unión a elemento rico en AT 3 de clon 300908 del maíz

25

<400> 48

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 49
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> proteína desconocida de clon ZM_BFb0036A01 de la cepa B73 del maíz

10

<400> 49

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      115                120                125
Asp Asp Glu Arg Ile Leu Ser Val Arg Phe Val Gly Gly Asp His Arg
  130                135                140
Leu Gln Asn Tyr Ser Ser Ile Leu Thr Val His Pro Glu Val Ile Asp
  145                150                155                160
Gly Arg Pro Gly Thr Leu Val Ile Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro
      165                170                175
Asp Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Leu
      180                185                190
Lys Cys Asn Leu Arg Ser Leu Ala Glu Val Ser Glu Gly Gln Val Ile
      195                200                205
Met Asp Gln Thr Glu Pro Leu Asp Arg
      210                215

```

5
 <210> 50
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

10
 <220>
 <223> proteína hipotética Os06g0528300 conservada del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz

<400> 50

```

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

```

15
 <210> 51
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

20
 <220>
 <223> proteína hipotética Osl_23215 del cultivar 93-11, grupo de cultivar Indica del arroz

ES 2 625 891 T3

<400> 51

Met Asn Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Ala Ala Gly Lys Leu Pro

1 5 10 15

Met Val Ser His Arg Gln Val Gln Trp Arg Leu Ala Asp Glu Arg Cys
 20 25 30

Glu Leu Arg Glu Glu Glu Met Glu Tyr Ile Arg Gln Phe His Arg His
 35 40 45

Glu Pro Ser Ser Asn Gln Cys Thr Ser Phe Val Ala Lys His Ile Lys
 50 55 60

Ala Pro Leu Gln Thr Val Trp Ser Leu Val Arg Arg Phe Asp Gln Pro
 65 70 75 80

Gln Leu Phe Lys Pro Phe Val Arg Lys Cys Val Met Arg Glu Asn Ile
 85 90 95

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

Ala Thr Arg Ser Thr Glu Arg Leu Glu Leu Leu Asp Asp Asn Glu His
 115 120 125

Ile Leu Lys Val Lys Phe Ile Gly Gly Asp His Met Leu Lys Asn Tyr
 130 135 140

Ser Ser Ile Leu Thr Ile His Ser Glu Val Ile Asp Gly Gln Leu Gly
 145 150 155 160

Thr Leu Val Val Glu Ser Phe Val Val Asp Ile Pro Glu Gly Asn Thr
 165 170 175

Lys Asp Asp Ile Cys Tyr Phe Ile Glu Asn Ile Leu Arg Cys Asn Leu
 180 185 190

Met Thr Leu Ala Asp Val Ser Glu Glu Arg Leu Ala Asn Pro
 195 200 205

5 <210> 52
 <211> 205
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

10 <220>
 <223> proteína hipotética OsJ_06125 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

<400> 52

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 53
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética Os02g0255500 conservada del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz

10

<400> 53

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 54

<211> 199

5 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<220>

10 <223> proteína desconocida del carretón, clon MTYFP_FQ_FR_FS1G-G-11

<400> 54

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      130              135              140
Phe Val Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr
145              150              155              160
Phe Val Glu Ala Leu Ile Lys Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ser Asp Val
      165              170              175
Ser Glu Gly His Ala Val Gln Asp Leu Thr Glu Pro Leu Asp Arg Val
      180              185              190
His Glu Leu Leu Ile Ser Gly
      195

```

5 <210> 55
 <211> 199
 <212> PRT
 <213> *Medicago truncatula*

10 <220>
 <223> proteína desconocida del carretón, clon MTYF1_F2_F3_F41G-K-4
 <400> 55

```

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

```

15 <210> 56
 <211> 197
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

20 <220>
 <223> proteína antimicrobiana CAPIP1 de clon 244179 del maíz
 <400> 56

ES 2 625 891 T3

```

Met Val Gly Leu Val Gly Gly Ser Thr Ala Arg Ala Glu His Val Val
 1          5          10          15
Ala Asn Ala Gly Gly Glu Ala Glu Tyr Val Arg Arg Met His Arg His
 20          25          30
Ala Pro Thr Glu His Gln Cys Thr Ser Thr Leu Val Lys His Ile Lys

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

```

5 <210> 57
 <211> 197
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

10 <220>
 <223> proteína antimicrobiana CAPIP1 de clon 1448906 del maíz
 <400> 57

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 58
 <211> 212
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> proteína desconocida de clon ZM_BFc0183D21 de la cepa B73 del maíz

10

<400> 58

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 59
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética Os06g0527800 conservada del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz

10

<400> 59

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      130              135              140
Ser Ser Ile Leu Thr Ile His Ser Glu Val Ile Asp Gly Gln Leu Gly
145              150              155              160
Thr Leu Val Val Glu Ser Phe Val Val Asp Ile Pro Asp Gly Asn Thr
      165              170
Lys Asp Asp Ile Cys Tyr Phe Ile Glu Asn Val Leu Arg Cys Asn Leu
      180              185              190
Met Thr Leu Ala Asp Val Ser Glu Glu Arg Leu Ala Asn Pro
      195              200              205

```

5 <210> 60
 <211> 197
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

10 <220>
 <223> proteína desconocida de clon ZM_BFc0063E17 de la cepa B73 del maíz
 <400> 60

```

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

```

15 <210> 61
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

20 <220>
 <223> proteína hipotética Osl_23218 del cultivar 93-11, grupo de cultivar Indica del arroz
 <400> 61

ES 2 625 891 T3

```

Met Asn Gly Val Gly Gly Ala Gly Gly Ala Ala Ala Gly Lys Leu Pro
 1          5          10          15
Met Val Ser His Arg Arg Val Gln Trp Arg Leu Ala Asp Glu Arg Cys
          20          25          30
Glu Leu Arg Glu Glu Glu Met Glu Tyr Ile Arg Arg Phe His Arg His

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

```

<210> 62
 <211> 209
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética Os05g0213500 conservada del cultivar Nipponbare (GA3), grupo del cultivar Japonica del arroz

10

<400> 62

ES 2 625 891 T3

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

<210> 63
 <211> 180
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> Proteína de tipo alérgeno Bet v I de clon OSJNBa0052K15 del cultivar Nipponbare (GA3), grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 63

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 64
 <211> 176
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

5

<220>
 <223> proteína hipotética de clon ETAV 115 del cultivar Pinot Noir de la vid, locus VITISV_029498

10

<400> 64

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 65
 <211> 180
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5 <220>
 <223> Proteína de tipo alérgeno Bet v I, proteína hipotética Osl_06615 del cultivar 93-11, grupo de cultivar Indica del arroz

10 <400> 65

```

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

15 <210> 66
 <211> 215
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

20 <220>
 <223> proteína hipotética OsJ_10498 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

<400> 66

ES 2 625 891 T3

```

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

Gln Pro Gln Ala Tyr Lys Arg Phe Val Arg Ser Cys Ala Leu Leu Ala
      100      105      110
Gly Asp Gly Gly Leu Gly Lys Val Arg Glu Arg Leu Glu Ile Leu Asp
      115      120      125
Asp Glu Ser His Val Leu Ser Phe Arg Val Val Gly Gly Glu His Arg
130      135      140
Leu Lys Asn Tyr Leu Ser Val Thr Thr Val His Pro Ser Pro Ser Ala
145      150      155      160
Pro Thr Ala Ala Thr Val Val Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro
      165      170      175
Pro Gly Asn Thr Pro Glu Asp Thr Arg Val Phe Val Asp Thr Ile Val
      180      185      190
Lys Cys Asn Leu Gln Ser Leu Ala Lys Thr Ala Glu Lys Leu Ala Ala
      195      200      205
Gly Ala Arg Ala Ala Gly Ser
210      215

```

<210> 67
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> *Rheum australe*

5

<220>
 <223> Proteína de tipo proteína inducida por patógeno del ruibarbo himalayo (*Rheum emodi*)

10

<400> 67

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 68
 <211> 254
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_016770 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 68

ES 2 625 891 T3

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

<210> 69
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_005784 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 69

ES 2 625 891 T3

```

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

Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Ala Val Ala Thr Ser
          165          170          175
Ser Ser Pro Pro Ala Ala Gly Asn His His
          180          185

```

<210> 70
 <211> 150
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_005938 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 70

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 71
 <211> 206
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_018129 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

<400> 71

10

```

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

Phe Arg Val Val Gly Gly Glu His Arg Leu Ser Asn Tyr Arg Ser Val
 130     135     140
Thr Thr Val His Glu Thr Ala Ala Gly Ala Ala Ala Val Val Val
 145     150     155     160
Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro His Gly Asn Thr Ala Asp Glu Thr
 165     170     175
Arg Met Phe Val Asp Thr Ile Val Arg Cys Asn Leu Gln Ser Leu Ala
 180     185     190
Arg Thr Ala Glu Gln Leu Ala Leu Ala Ala Pro Arg Ala Ala
 195     200     205
    
```

<210> 72
 <211> 396
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

15

<220>
 <223> proteína hipotética de clon ETAV 115 del cultivar Pinot Noir de la vid, locus VITISV_001710

20

<221> VARIANTE
 <222> (1)...(395)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

25

<400> 72

ES 2 625 891 T3

```

Met Pro Ile Ser Ser Leu Pro Phe Ser Leu Tyr Thr Val Thr Pro Asn
 1      5      10      15
Pro Leu Lys Leu Ile Thr Thr His Ala His Ala Phe Thr Pro His Thr
 20      25      30
His Ile Phe Thr Leu Lys Phe Met Ser His Thr Tyr Cys Pro His Ile
 35      40      45
His His Ile Thr Ser Ile His Tyr Thr His Leu Leu Xaa Pro Ile Pro
 50      55      60
His Met Pro Leu Gln Pro Pro Leu Pro Pro His Pro Ile Leu Pro Ser
 65      70      75      80
Met Pro Ala Phe Gln His Leu Tyr Ser Thr Asn Gln His Leu Gln Val
 85      90      95
Ala Leu Phe Ser Ala Arg Gly Pro Asn Ile Arg Asp Phe Asn Phe Gln
 100     105     110
Asp Ala Asp Leu Leu Lys Leu Asp Ile Leu Ala Pro Gly Ser Leu Ile
 115     120     125
Trp Ala Ala Trp Ser Pro Asn Gly Thr Asp Glu Ala Asn Tyr Val Gly
 130     135     140
Glu Gly Ser Pro Thr Val Ala Met Ile Ala Lys Arg Gly Pro Arg His
 145     150     155     160
Gly Lys Tyr Met Ala Phe Cys Xaa Met Tyr Arg Asp Asn Val Ala Pro
 165     170     175
Lys Gly Val Asn Xaa Ala Val Ala Thr Val Lys Thr Lys Arg Thr Ile
 180     185     190
Gln Leu Lys Thr Ser Leu Glu Ile Ala Cys His Tyr Ala Gly Ile Asn
 195     200     205
Ile Ser Gly Ile Asn Gly Glu Val Met Pro Gly Gln Trp Glu Tyr Gln
 210     215     220
Val Gly Pro Gly Gln Cys Ser Ser Leu Leu Ala Gln Arg Val His Val
 225     230     235     240
Pro Leu Ser Ala Val Gly Ser Val Val His Arg Phe Asp Lys Pro Gln
 245     250     255
Arg Tyr Gln His Val Ile Lys Ser Cys Arg Ile Glu Asp Gly Phe Glu
 260     265     270
Met Arg Met Gly Xaa Leu Arg Asp Val Asn Ile Ile Ser Gly Leu Pro
 275     280     285
Thr Ala Thr Asn Thr Gly Arg Leu Asp Met Gln Asp Asp Glu Arg His
 290     295     300

Val Thr Arg Cys Pro His Gln Arg Gln Ser Glu Ser Lys Tyr Thr Glu
 305      310      315      320
Asn Asn Asn Ser Asp Ala Ser Ser Ile Lys Ser Pro Ile Asn Gly Pro
 325      330      335
Ser Glu His Leu Lys Thr Ala Ala Ser Pro Lys Thr Glu Ser Ile Ile
 340      345      350
Val Ile Asp Thr Ser Lys Phe Leu Asn Glu Glu Asp Phe Glu Gly Lys
 355      360      365
Asp Glu Thr Ser Ser Ser Asn Gln Val Gln Ile Glu Asp Glu Asn Trp
 370      375      380
Glu Thr Arg Phe Pro Asn Thr Asp Ala Gly Ile Trp
 385      390      395

```

<210> 73
 <211> 443
 <212> PRT
 <213> *Vitis vinifera*

ES 2 625 891 T3

<220>

<223> proteína hipotética de clon ETAV 115 del cultivar Pinot Noir de la vid, locus VITISV_014403

<221> VARIANTE

5

<222> (1)...(443)

<223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 73

Met	Pro	Ser	Ala	Xaa	Lys	Ser	Ser	Thr	Val	Pro	Leu	Ser	Leu	Xaa	Gln
1				5					10					15	
Phe	Lys	Leu	Gly	Leu	Arg	His	Gly	His	Arg	Val	Ile	Pro	Trp	Gly	Asp
			20					25					30		
Leu	Asp	Ser	Leu	Ala	Met	Leu	Gln	Arg	Gln	Leu	Asp	Val	Asp	Ile	Leu
		35					40					45			
Val	Thr	Gly	His	Thr	His	Arg	Phe	Thr	Ala	Tyr	Lys	His	Glu	Gly	Gly
	50					55					60				
Val	Val	Ile	Asn	Pro	Gly	Ser	Ala	Thr	Gly	Ala	Phe	Gly	Ser	Ile	Thr
65					70					75					80
Tyr	Asp	Val	Asn	Pro	Ser	Phe	Val	Leu	Met	Asp	Ile	Asp	Gly	Leu	Arg
			85						90					95	
Val	Val	Val	Cys	Val	Tyr	Glu	Leu	Ile	Asp	Glu	Thr	Ala	Asn	Ile	Ile
			100					105					110		
Lys	Glu	Leu	His	Ala	Arg	Lys	Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Lys	Ser	Met	Ile
		115					120						125		
Xaa	Cys	Leu	Leu	Leu	Lys	Arg	Arg	Ser	Thr	Pro	Lys	Phe	Arg	Arg	Lys
	130					135					140				
Lys	Leu	Phe	Leu	Phe	Gln	Cys	Arg	Val	Gln	Met	Thr	Leu	Thr	Leu	Thr
145					150					155					160
Asn	Leu	Ala	Val	Ser	Gly	Ile	Ala	Gln	Thr	Leu	Gln	Val	Asp	Gln	Trp
				165					170					175	
Thr	Val	Cys	Ala	Leu	Ile	Phe	Met	Thr	Arg	Arg	Asp	Ile	His	Leu	Asp
			180					185					190		
Lys	Ala	Arg	Phe	Leu	Asp	Phe	Lys	Asp	Met	Gly	Lys	Leu	Leu	Ala	Asp
		195					200					205			
Ala	Ser	Gly	Leu	Arg	Lys	Ala	Leu	Ser	Gly	Gly	Xaa	Val	Thr	Ala	Gly
	210					215					220				
Met	Ala	Ile	Phe	Asp	Thr	Met	Arg	His	Ile	Arg	Pro	Asp	Val	Pro	Thr
225					230					235					240
Val	Cys	Val	Gly	Leu	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ile	Ala	Lys	Arg	Gly	Pro
				245					250					255	
Arg	His	Gly	Lys	Tyr	Met	Ala	Phe	Cys	Pro	Met	Tyr	Arg	Asp	Asn	Val
			260					265					270		
Ala	Pro	Lys	Gly	Val	Asn	Val	Ala	Val	Val	Thr	Val	Lys	Thr	Lys	Arg
			275				280						285		

10

ES 2 625 891 T3

```

Thr Ile Gln Leu Lys Thr Ser Leu Glu Ile Ala Cys His Tyr Ala Gly
  290                               295                 300
Ile Asn Ile Ser Gly Ile Asn Gly Glu Val Met Pro Gly Gln Trp Glu
305                               310                 315                 320
Tyr Gln Val Gly Pro Gly Gln Cys Ser Ser Leu Leu Ala Gln Arg Val
                               325                 330                 335
His Val Pro Leu Ser Ala Val Gly Ser Val Val His Arg Phe Asp Lys
                               340                 345                 350
Pro Gln Arg Tyr Gln His Val Ile Lys Ser Cys Arg Ile Glu Asp Gly
                               355                 360                 365
Phe Glu Met Arg Met Gly Arg Leu Arg Asp Val Asn Ile Ile Ser Gly
                               370                 375                 380
Leu Pro Thr Ala Thr Asn Thr Gly Arg Leu Asp Met Gln Asp Asp Glu
385                               390                 395                 400
Xaa His Val Thr Arg Cys Pro His Gln Arg Gln Ser Glu Ser Lys Tyr
                               405                 410                 415
Thr Glu Asn Asn Asn Ser Asp Ala Ser Ser Val Lys Ser Pro Ile Asn
                               420                 425                 430
Gly Pro Ser Glu His Leu Lys Thr Ala Ala Xaa
                               435                 440

```

5 <210> 74
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

10 <220>
 <223> secuencia parcial de proteína capipl de clon OSR-385-428-D5, del cultivar Pokkali, grupo de cultivar Indica del arroz

<400> 74

```

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

```

15 <210> 75
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

20 <220>
 <223> proteína desconocida de clon ZM_BFc0034007 de la cepa B73 del maíz

25 <400> 75

ES 2 625 891 T3

```

Met Val Val Glu Met Asp Gly Gly Val Gly Val Ala Ala Ala Gly Gly
 1      5      10      15
Gly Gly Ala Gln Thr Pro Ala Pro Pro Pro Pro Arg Arg Trp Arg Leu
      20      25      30
Ala Asp Glu Arg Cys Asp Leu Arg Ala Met Glu Thr Asp Tyr Val Arg
      35      40      45
Arg Phe His Arg His Glu Pro Arg Asp His Gln Cys Ser Ser Ala Val

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

```

<210> 76
 <211> 239
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5

<220>
 <223> proteína hipotética OsJ_020681 del cultivar Nipponbare, grupo de cultivar Japonica del arroz

10

<400> 76

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 77
 <211> 159
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL12

10

<400> 77

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 78
 <211> 188
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL8

10

<400> 78

```

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

```

15

<210> 79
 <211> 211

ES 2 625 891 T3

<212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

<220>
 5 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL7

<400> 79

```

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

10 <210> 80
 <211> 187
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

15 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL9

20 <400> 80

ES 2 625 891 T3

```

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

      130      135      140
Phe Val Val Asp Val Pro Gln Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr
 145      150      155      160
Phe Val Glu Ala Leu Ile Arg Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ala Asp Val
      165      170      175
Ser Glu Arg Leu Ala Ser Gln Asp Ile Thr Gln
      180      185

```

5 <210> 81
 <211> 161
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL11

<400> 81

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 82
 <211> 183
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL10

<400> 82

10

```

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

<210> 83
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

15

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL13

20

<400> 83

ES 2 625 891 T3

```

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

```

5 <210> 84
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL5

<400> 84

```

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

Glu Glu Arg His Val Ile Ser Phe Ser Val Val Gly Gly Asp His Arg
      130      135      140
Leu Lys Asn Tyr Arg Ser Val Thr Thr Leu His Ala Ser Asp Asp Glu
      145      150      155      160
Gly Thr Val Val Val Glu Ser Tyr Ile Val Asp Val Pro Pro Gly Asn
      165      170      175
Thr Glu Glu Glu Thr Leu Ser Phe Val Asp Thr Ile Val Arg Cys Asn
      180      185      190
Leu Gln Ser Leu Ala Arg Ser Thr Asn Arg Gln
      195      200

```

15 <210> 85
 <211> 207

ES 2 625 891 T3

<212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL4

<400> 85

```

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

10 <210> 86
 <211> 215
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

15 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL6

<400> 86

```

Met Pro Thr Ser Ile Gln Phe Gln Arg Ser Ser Thr Ala Ala Glu Ala
 1                               5                               10           15
Ala Asn Ala Thr Val Arg Asn Tyr Pro His His His Gln Lys Gln Val
                               20                               25           30
Gln Lys Val Ser Leu Thr Arg Gly Met Ala Asp Val Pro Glu His Val
                               35                               40           45
    
```

ES 2 625 891 T3

```

Glu Leu Ser His Thr His Val Val Gly Pro Ser Gln Cys Phe Ser Val
 50          55          60
Val Val Gln Asp Val Glu Ala Pro Val Ser Thr Val Trp Ser Ile Leu
65          70          75          80
Ser Arg Phe Glu His Pro Gln Ala Tyr Lys His Phe Val Lys Ser Cys
          85          90          95
His Val Val Ile Gly Asp Gly Arg Glu Val Gly Ser Val Arg Glu Val
          100          105          110
Arg Val Val Ser Gly Leu Pro Ala Ala Phe Ser Leu Glu Arg Leu Glu
          115          120          125
Ile Met Asp Asp Asp Arg His Val Ile Ser Phe Ser Val Val Gly Gly
          130          135          140
Asp His Arg Leu Met Asn Tyr Lys Ser Val Thr Thr Val His Glu Ser
          145          150          155          160
Glu Glu Asp Ser Asp Gly Lys Lys Arg Thr Arg Val Val Glu Ser Tyr
          165          170          175
Val Val Asp Val Pro Ala Gly Asn Asp Lys Glu Glu Thr Cys Ser Phe
          180          185          190
Ala Asp Thr Ile Val Arg Cys Asn Leu Gln Ser Leu Ala Lys Leu Ala
          195          200          205
Glu Asn Thr Ser Lys Phe Ser
          210          215

```

<210> 87
 <211> 190
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL2

10

<400> 87

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 88
 <211> 209
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL3

<400> 88

10

```

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

<210> 89
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

15

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYR1

<400> 89

20

ES 2 625 891 T3

```

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

```

180

185

190

5 <210> 90
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis sp.*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL PYL1
 <400> 90

ES 2 625 891 T3

```

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

```

5 <210> 91
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(50)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <400> 91

```

Gly Xaa Xaa Arg Xaa Val Xaa Xaa Xaa Ser Gly Xaa Pro Ala Xaa Xaa
 1      5      10      15
Ser Xaa Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
      20      25      30
Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa His Arg Leu Xaa Asn Tyr Lys Ser Xaa
      35      40      45
Xaa Xaa
      50

```

20 <210> 92
 <211> 41
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

25 <220>
 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(41)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

30 <400> 92

ES 2 625 891 T3

```

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Glu Ser Xaa Xaa Val Asp Xaa
 1           5           10
Pro Xaa Gly Asn Xaa Xaa Xaa Xaa Thr Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Xaa Xaa
      20           25           30
Xaa Xaa Xaa Asn Leu Xaa Xaa Leu Xaa
      35           40

```

- 5 <210> 93
- <211> 36
- <212> PRT
- <213> Secuencia Artificial
- <220>
- 10 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
- <221> VARIANTE
- <222> (1)...(36)
- <223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <400> 93

```

Cys Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala Pro Xaa Xaa Xaa Xaa
 1           5           10           15
Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe
      20           25           30
Xaa Xaa Xaa Cys
      35

```

- 20 <210> 94
- <211> 25
- <212> PRT
- <213> Secuencia Artificial
- <220>
- 25 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
- <221> VARIANTE
- <222> (1)...(25)
- <223> Xaa = cualquier aminoácido
- 30 <400> 94

```

Gly Xaa Xaa Arg Xaa Val Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Pro Ala Xaa Xaa
 1           5           10           15
Ser Xaa Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp
      20           25

```

- 35 <210> 95
- <211> 11
- <212> PRT
- <213> Secuencia Artificial
- <220>
- 40 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
- <221> VARIANTE
- <222> (1)...(11)
- <223> Xaa = cualquier aminoácido
- 45 <400> 95

ES 2 625 891 T3

Gly Gly Xaa His Arg Leu Xaa Asn Tyr Xaa Ser
 1 5 10

5 <210> 96
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR1 a PYL12 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

15 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(36)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

Cys Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Ala Pro Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15
 Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Lys Xaa Phe
 20 25 30
 Xaa Xaa Xaa Cys
 35

20 <210> 97
 <211> 25
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

25 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR1 a PYL12 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

30 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(25)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

35 <400> 97

Gly Xaa Xaa Arg Xaa Val Xaa Xaa Xaa Ser Xaa Leu Pro Ala Xaa Xaa
 1 5 10 15
 Ser Xaa Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp
 20 25

40 <210> 98
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

45 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR1 a PYL12 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

50 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(11)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

Gly Gly Xaa His Arg Leu Xaa Asn Tyr Xaa Ser
 1 5 10

55 <400> 98

60 <210> 99
 <211> 31

ES 2 625 891 T3

<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

5 <220>
<223> secuencia consenso de PYR1 a PYL12 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
<222> (1)...(31)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

10 <400> 99

```

Glu Ser Xaa Xaa Val Asp Xaa Pro Xaa Gly Asn Xaa Xaa Xaa Xaa Thr
 1           5           10           15
Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Leu Xaa Xaa Leu
           20           25           30
    
```

15 <210> 100
<211> 45
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

20 <220>
<223> secuencia consenso de PYR1 a PYL6 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
<222> (1)...(45)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

25 <400> 100

```

His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa
 1           5           10           15
Xaa Xaa Xaa Ala Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe
           20           25           30
Xaa Xaa Pro Xaa Xaa Tyr Lys Xaa Phe Xaa Xaa Xaa Cys
           35           40           45
    
```

30 <210> 101
<211> 48
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

35 <220>
<223> secuencia consenso de PYR1 a PYL6 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
<222> (1)...(48)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

40 <400> 101

```

Val Gly Arg Xaa Val Xaa Val Xaa Ser Gly Leu Pro Ala Xaa Xaa Ser
 1           5           10           15
Xaa Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Phe
           20           25           30
Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa His Arg Leu Xaa Asn Tyr Xaa Ser Val Thr
           35           40           45
    
```

45 <210> 102
<211> 33
<212> PRT

ES 2 625 891 T3

<213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR1 a PYL6 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 5
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(33)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 10
 <400> 102

 Val Xaa Glu Ser Tyr Xaa Val Asp Xaa Pro Xaa Gly Asn Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15
 Xaa Thr Xaa Xaa Phe Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asn Leu Gln Xaa
 20 25 30
 Leu

 <210> 103
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial
 15
 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR7 a PYL10 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 20
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(50)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido
 25
 <400> 103

 His Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Cys Xaa Ser Xaa Leu Val Lys
 1 5 10 15
 Xaa Ile Xaa Ala Pro Xaa His Xaa Val Trp Ser Xaa Val Arg Arg Phe
 20 25 30
 Asp Xaa Pro Gln Lys Tyr Lys Pro Phe Xaa Ser Arg Cys Xaa Val Xaa
 35 40 45
 Gly Xaa
 50

 30
 <210> 104
 <211> 65
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial
 35
 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR7 a PYL10 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(65)
 40
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

 <400> 104

ES 2 625 891 T3

```

Glu Xaa Gly Xaa Xaa Arg Glu Val Xaa Xaa Lys Ser Gly Leu Pro Ala
 1      5      10
Thr Xaa Ser Thr Glu Xaa Leu Glu Xaa Leu Asp Asp Xaa Glu His Ile
 20      25      30
Leu Xaa Ile Xaa Ile Xaa Gly Gly Asp His Arg Leu Lys Asn Tyr Ser
 35      40      45
Ser Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Glu Xaa Ile Xaa Gly Xaa Xaa Gly Thr
 50      55      60
Xaa
65

```

5 <210> 105
 <211> 40
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR7 a PYL10 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
 <222> (1)...(40)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <400> 105

```

Xaa Xaa Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro Xaa Gly Asn Thr Lys Xaa
 1      5      10
Xaa Thr Cys Xaa Phe Val Glu Xaa Leu Ile Xaa Cys Asn Leu Xaa Ser
 20      25      30
Leu Ala Xaa Xaa Xaa Glu Arg Leu
 35      40

```

20 <210> 106
 <211> 44
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

25 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR11 a PYL13 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
 <222> (1)...(44)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

30 <400> 106

```

Cys Xaa Ser Xaa Xaa Val Xaa Thr Ile Xaa Ala Pro Leu Xaa Leu Val
 1      5      10
Trp Ser Ile Leu Arg Xaa Phe Asp Xaa Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Phe
 20      25      30
Val Lys Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Ser Gly Xaa Gly Gly
 35      40

```

35 <210> 107
 <211> 49
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

40 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR11 a PYL13 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

ES 2 625 891 T3

<221> VARIANTE
 <222> (1)...(49)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

5 <400> 107

```

Gly Ser Val Arg Xaa Val Thr Xaa Val Ser Xaa Xaa Pro Ala Xaa Phe
 1           5           10           15
Ser Xaa Glu Arg Leu Xaa Glu Leu Asp Asp Glu Ser His Val Met Xaa
           20           25           30
Xaa Ser Ile Ile Gly Gly Xaa His Arg Leu Val Asn Tyr Xaa Ser Lys
           35           40           45
Thr
  
```

10 <210> 108
 <211> 188
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

15 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del maíz

<400> 108

```

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

20 <210> 109
 <211> 205
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

25 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del maíz

30 <400> 109

ES 2 625 891 T3

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

<210> 110
 <211> 220
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del maíz

10

<400> 110

ES 2 625 891 T3

```

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

```

```

                195                200                205
Ser Leu Ala Thr Thr Ala Glu Lys Leu Ala Ala Val
 210                215                220

```

5 <210> 111
 <211> 221
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 111

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 112
 <211> 214
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

10

<400> 112

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

                85                90                95
Gly Ser Thr Arg Asp Val His Val Ile Ser Gly Leu Pro Ala Ala Thr
                100                105                110
Ser Thr Glu Arg Leu Asp Leu Leu Asp Asp Arg His Val Ile Gly
                115                120                125
Phe Thr Ile Val Gly Gly Asp His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val
                130                135                140
Thr Ser Val His Gly Phe Glu Cys Asp Gly Lys Ile Trp Thr Val Val
                145                150                155                160
Leu Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp
                165                170                175
Thr Arg Leu Phe Ala Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu
                180                185                190
Ala Ser Val Ser Glu Gly Met Cys Gly Asp Gly Asp Gly Asp Gly Asp
                195                200                205
Gly Lys Gly Asn Lys Ser
                210

```

5
 <210> 113
 <211> 216
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10
 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 113

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 114
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 114

10

```

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

<210> 115
 <211> 176
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

15

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 115

20

ES 2 625 891 T3

```

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

```

5 <210> 116
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja
 <400> 116

```

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

```

15 <210> 117
 <211> 191

ES 2 625 891 T3

<212> PRT
 <213> *Glycine max*

5 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 117

```

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

180

185

190

10 <210> 118
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

15 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

20 <400> 118

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 119
 <211> 178
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

10

<400> 119

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

      130              135              140
Thr Thr Glu Asp Thr Arg Val Phe Val Asp Thr Ile Leu Arg Cys Asn
145              150              155              160
Leu Gln Ser Leu Ala Lys Phe Ala Glu Asn Leu Thr Asn Lys Leu His
      165              170              175
Gln Arg

```

5 <210> 120
 <211> 246
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja
 <400> 120

```

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

```

15 <210> 121
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

20 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

ES 2 625 891 T3

<400> 121

```

Met Glu Lys Ala Glu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Glu Pro Asp Ser Asp
 1           5           10           15
Asp Asn His His Arg His Pro Thr Asn His His Leu Asn Pro Pro Ser

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

```

5 <210> 122
 <211> 229
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 122

ES 2 625 891 T3

```

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

                Thr Ala Gln His Cys
                225

```

5 <210> 123
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja
 <400> 123

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 124
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

10

<400> 124

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 125
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 125

10

```

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

<210> 126
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

15

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

20

<400> 126

ES 2 625 891 T3

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

<210> 127
 <211> 188
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

10

<400> 127

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 128
 <211> 177
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

10

<400> 128

```

Met Leu Pro Asn Asn Pro Ser Thr Ile Val Pro Asp Ala Val Ala Arg

```

ES 2 625 891 T3

```

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

```

5 <210> 129
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 129

```

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

```

ES 2 625 891 T3

<210> 130
 <211> 191
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 130

10

```

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

<210> 131
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

15

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL de la soja

<400> 131

20

ES 2 625 891 T3

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

<210> 132
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo

10

<400> 132

ES 2 625 891 T3

```

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

```

<210> 133
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo

10

<400> 133

```

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

```

ES 2 625 891 T3

```

145                               150                               155                               160
Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp Thr Arg Met Phe Thr
                               165                               170                               175
Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Ala Ile Ala Thr
                               180                               185                               190
Ser Ser Ala Ala Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ser Thr
                               195                               200

```

5 <210> 134
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo
 <400> 134

```

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

```

15 <210> 135
 <211> 222
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

20 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo

ES 2 625 891 T3

<400> 135

```

Met Pro Cys Leu Gln Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Met Pro His Gln
 1          5          10          15

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

```

5 <210> 136
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

10 <220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo

<400> 136

ES 2 625 891 T3

```

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

```

210

<210> 137
 <211> 216
 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

5

<220>
 <223> Polipéptido receptor de PYR/PYL del sorgo

10

<400> 137

ES 2 625 891 T3

```

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

```

5 <210> 138
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> secuencia consenso de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(24)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <400> 138

```

Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1          5          10          15
Xaa Xaa Gly Gly Xaa His Xaa Leu
 20

```

20 <210> 139
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

25 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR1 a PYL6 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético
 <221> VARIANTE
 <222> (1)...(50)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

30

ES 2 625 891 T3

<400> 139

```

Val Gly Xaa Xaa Arg Xaa Val Xaa Val Xaa Ser Gly Leu Pro Ala Xaa
 1           5           10           15
Xaa Ser Xaa Glu Xaa Leu Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
          20           25           30
Xaa Phe Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa His Arg Leu Xaa Asn Tyr Xaa Ser
          35           40           45
Val Thr
 50
    
```

5 <210> 140
 <211> 105
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

10 <220>
 <223> secuencia consenso de PYR7 a PYL10 de polipéptido receptor de PYR/PYL sintético

<221> VARIANTE
 <222> (1)...(105)
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 140

```

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

20 <210> 141
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Secuencia Artificial

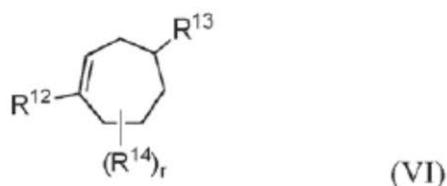
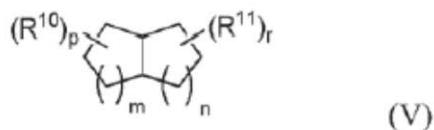
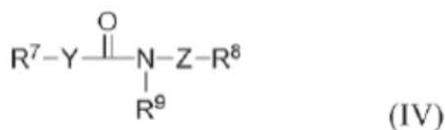
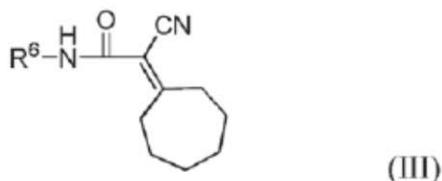
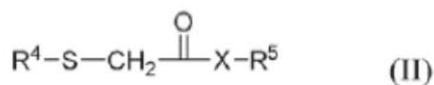
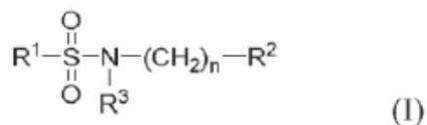
25 <220>
 <223> marcador His6x sintético, marcador de poli-His

<400> 141

30 His His His His His His
 1 5

REIVINDICACIONES

- 5 1. Uso de un casete de expresión que comprende un promotor específico de un tejido o inducible unido operativamente a un polinucleótido que codifica un polipéptido receptor de PYR/PYL para mejorar la tolerancia a la sequía en una planta, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL se **caracteriza por** la presencia de uno o ambos de entre un dominio 2 de poliquétido ciclasa (PF10604) o un dominio 1 de poliquétido ciclasa (PF03364), y en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL comprende SEQ ID NO: 102.
- 10 2. El uso de la reivindicación 1, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL:
- 15 (i) es una forma constitutivamente activa, de modo que el receptor se unirá a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en ausencia de ácido abscísico o un agonista de ABA; o
(ii) se une a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en presencia, pero no en ausencia, de ácido abscísico o un agonista de ABA.
- 20 3. El uso de la reivindicación 1 o 2, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL es al menos un 70 % idéntico a cualquiera de SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 90.
- 25 4. El uso de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que el promotor es:
- 30 (i) un promotor específico de células protectoras; o
(ii) un promotor inducible por sequía.
- 35 5. Una planta que comprende un casete de expresión heterólogo, comprendiendo el casete de expresión un promotor específico de un tejido o inducible unido operativamente a un polinucleótido que codifica un polipéptido receptor de PYR/PYL, en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL se **caracteriza por** la presencia de uno o ambos de entre un dominio 2 de poliquétido ciclasa (PF10604) o un dominio 1 de poliquétido ciclasa (PF03364), en el que el polipéptido receptor de PYR/PYL comprende SEQ ID NO: 102 y en el que la planta tiene una mejor tolerancia a la sequía en comparación con una planta carente del casete de expresión.
- 40 6. La planta de la reivindicación 5, en la que el polipéptido receptor de PYR/PYL:
- 45 (i) es una forma constitutivamente activa, de modo que el receptor se unirá a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en ausencia de ácido abscísico o un agonista de ABA; o
(ii) se une a una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en un ensayo de dos híbridos de levadura en presencia, pero no en ausencia, de ácido abscísico o un agonista de ABA.
- 50 7. La planta de la reivindicación 5 o 6, en la que el polipéptido receptor de PYR/PYL es al menos un 70 % idéntico a cualquiera de SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 90.
8. La planta de una cualquiera de las reivindicaciones 5 a 7, en la que el promotor es:
9. Una célula vegetal, semilla, flor, hoja o fruto de la planta de una cualquiera de las reivindicaciones 6 a 8.
10. Un método de aumento de la tolerancia a la sequía en una planta de una cualquiera de las reivindicaciones 5 a 8, comprendiendo el método la puesta en contacto de la planta con una cantidad suficiente de un compuesto para aumentar la tolerancia a la sequía en comparación con la no puesta en contacto de la planta con el compuesto, en el que el compuesto se selecciona de las siguientes fórmulas:



en las que

- 5 R^1 se selecciona del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ; cada R^{1a} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C_{1-6} , haloalquilo C_{1-6} , alquenilo C_{2-6} , alquinilo C_{2-6} , alcoxi C_{1-6} , haloalcoxi C_{1-6} , hidroxialquilo C_{1-6} , $-\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{SR}'$, $-\text{OH}$, $-\text{CN}$, $-\text{NO}_2$, $-\text{C}(\text{O})\text{R}'$, $-\text{C}(\text{O})\text{OR}'$, $-\text{C}(\text{O})\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{R}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{OR}''$, $-\text{N}(\text{R}')\text{C}(\text{O})\text{NR}'\text{R}''$, $-\text{OP}(\text{O})(\text{OR}')_2$, $-\text{S}(\text{O})_2\text{OR}'$, $-\text{S}(\text{O})_2\text{NR}'\text{R}''$, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-\text{NO}_2$ y el grupo heteroarilo está opcionalmente sustituido con alquilo C_{1-6} ;
- 10 como alternativa, los grupos R^{1a} adyacentes pueden combinarse para formar un miembro seleccionado del grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, en los que el grupo arilo está opcionalmente sustituido con $-\text{OH}$;
- 15 R' y R'' se seleccionan cada uno independientemente del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ;
- R^2 se selecciona del grupo que consiste en alquenilo C_{2-6} , cicloalquenilo, arilo y heteroarilo;
- R^3 es H o está opcionalmente combinado con R^2 y los átomos a los que está unido cada uno para formar un heterocicloalquilo opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- R^4 es un heteroarilo, opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- 20 R^5 se selecciona del grupo que consiste en alquilo C_{1-6} y arilo, en el que el arilo está opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- cada uno de R^6 y R^7 se selecciona independientemente del grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;
- R^8 se selecciona del grupo que consiste en cicloalquilo y arilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-3 grupos R^{1a} ;

R^9 es H o está opcionalmente combinado con un grupo R^{1a} de R^8 y los átomos a los que cada uno está unido para formar un heterocicloalquilo;

el subíndice n es 0-2;

X está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -O- y -N(R')-;

5 Y está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -C(O)- y -C(R',R'')-;

Z está ausente o se selecciona del grupo que consiste en -N= y -C(S)-N(R')-, de modo que uno de Y y Z está ausente;

10 cada uno de R^{10} y R^{11} se selecciona independientemente del grupo que consiste en H, alquilo C_{1-6} , -C(O)OR' y alquénil C_{1-6} -C(O)OH, siendo al menos dos de los grupos R^{10} y R^{11} alquilo C_{1-6} y siendo al menos uno de los grupos R^{10} y R^{11} alquénil C_{1-6} -C(O)OH;

como alternativa, dos grupos R^{10} o R^{11} unidos al mismo átomo de carbono se combinan para formar =O;

como alternativa, un grupo R^{10} y un grupo R^{11} se combinan para formar un cicloalquilo que tiene de 3 a 6 miembros en el anillo;

15 cada uno de los subíndices k y m es un número entero de 1 a 3, de modo que la suma de k y m es de 3 a 4;

cada uno de los subíndices p y r es un número entero de 1 a 10;

en las que dos de los grupos R^{10} y R^{11} sobre los átomos de carbono adyacentes se combinan para formar un enlace;

R^{12} es un alquilo C_{1-6} , sustituido con un =O;

R^{13} es alquénil C_{1-6} -C(O)OH;

20 R^{14} se selecciona del grupo que consiste en H y alquilo C_{1-6} ; y

el subíndice r es un número entero de 1 a 10;

con la condición de que cuando R^1 sea 4-bromo-naftalen-1-ilo y n sea 1, R^2 sea distinto de pirid-2-ilo sin sustituir.

25 11. Un casete de expresión según lo relatado en una cualquiera de las reivindicaciones 5 a 8.

12. Un vector de expresión que comprende el casete de expresión de la reivindicación 11.

30 13. Un método de fabricación de una planta con una mayor tolerancia a la sequía, comprendiendo el método introducir el casete de expresión de la reivindicación 11 en una pluralidad de plantas; y seleccionar una planta que comprende el casete de expresión que tiene una mayor tolerancia a la sequía en comparación con una planta carente del casete de expresión.

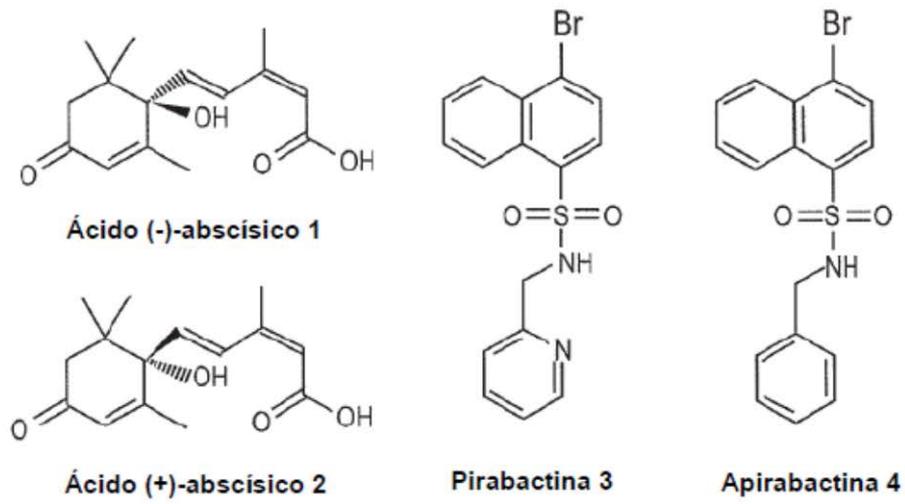


FIG. 1A

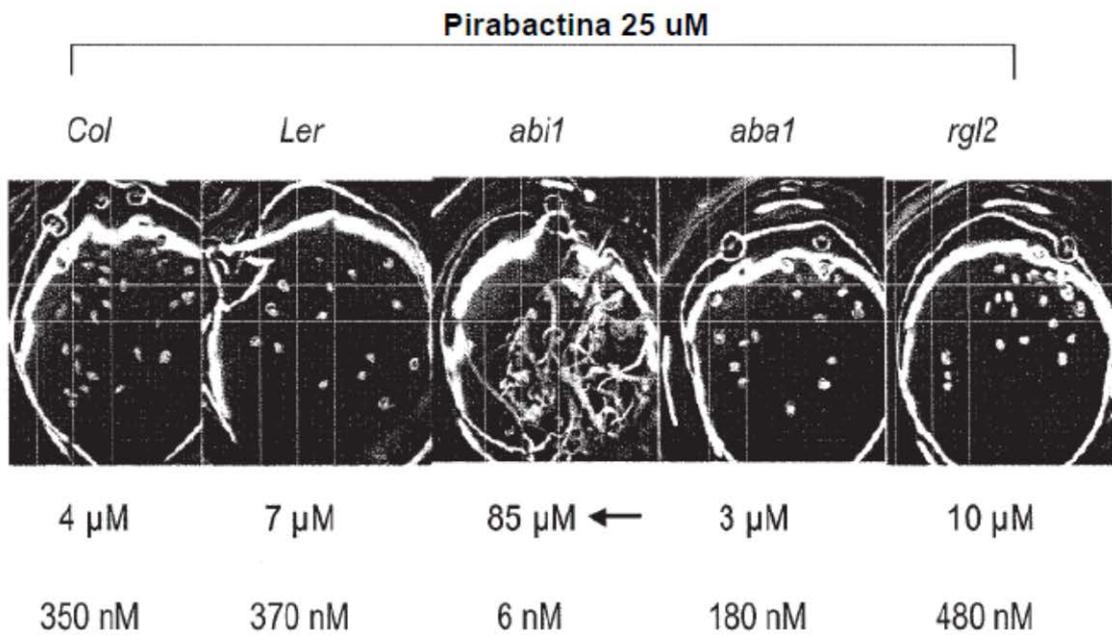
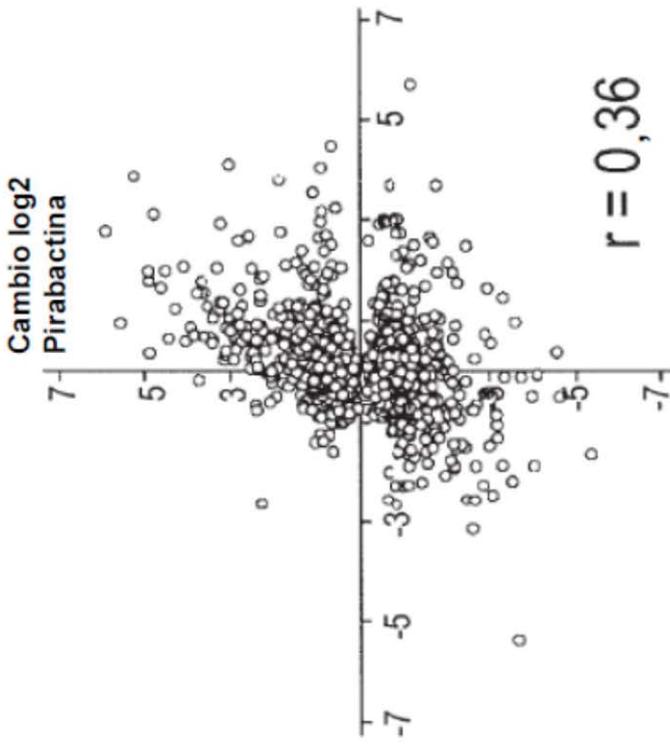


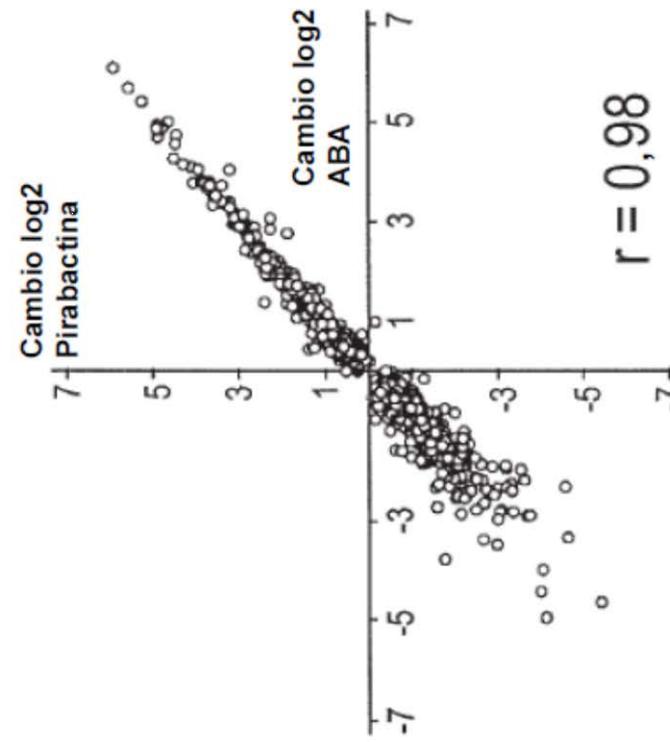
FIG. 1B



Pirabactina frente a
ácido abscísico

Tratamiento de las semillas

FIG. 1C



Pirabactina frente a
ácido de cicloheximida

Tratamiento de las semillas

FIG. 1D

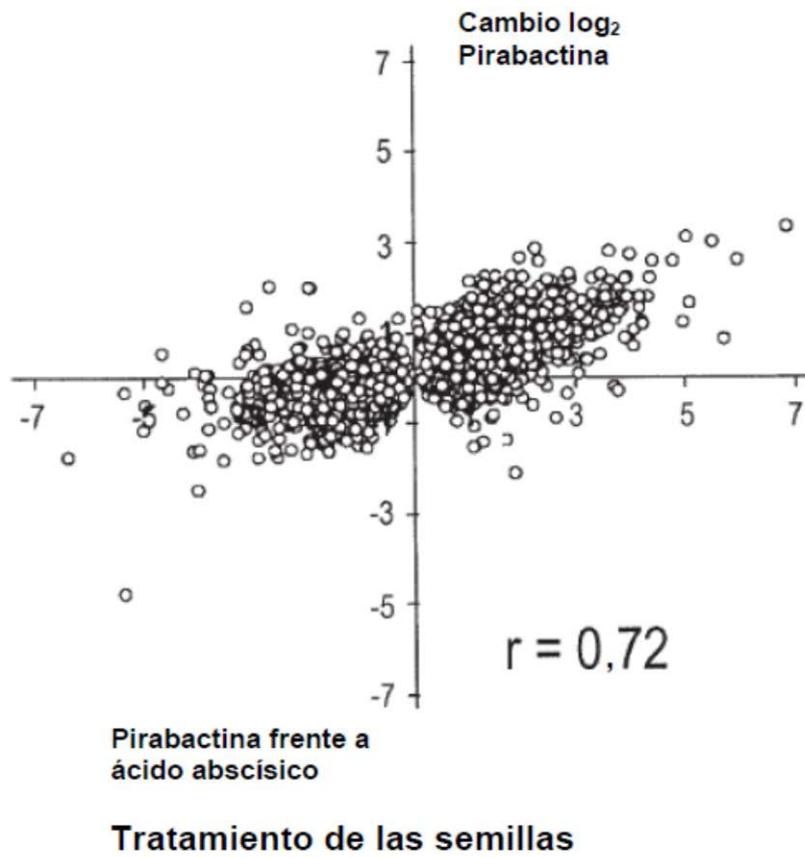


FIG. 1E

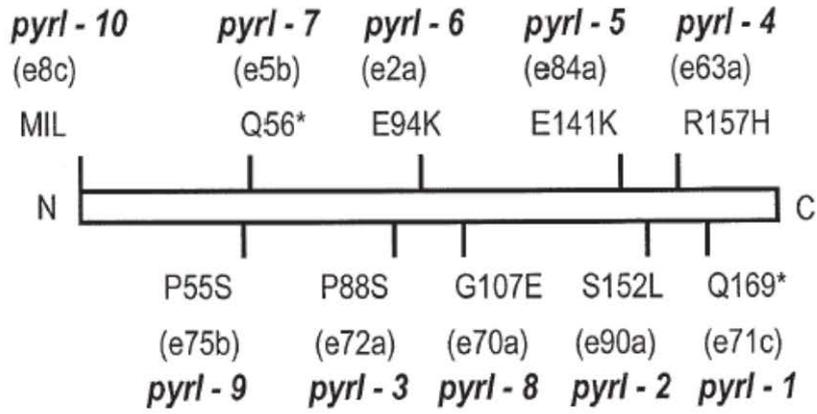


FIG. 2A

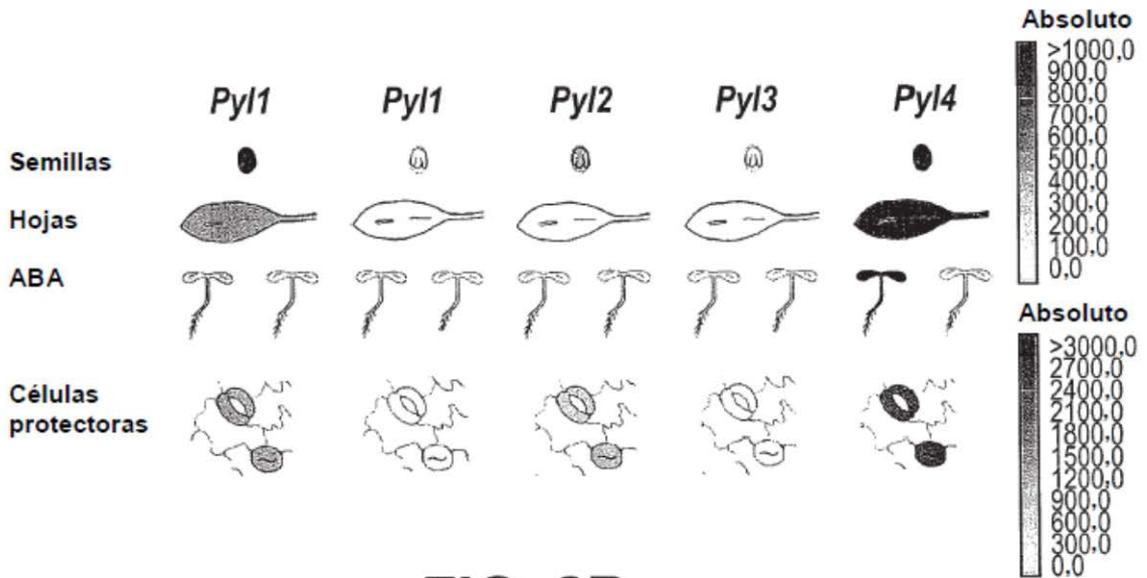


FIG. 2B

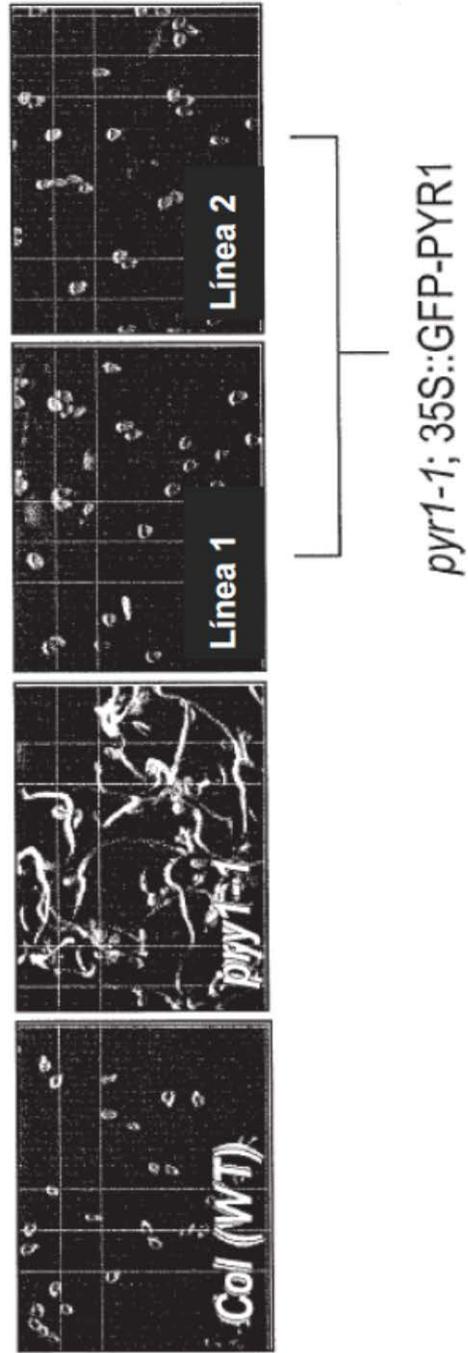


FIG. 2C

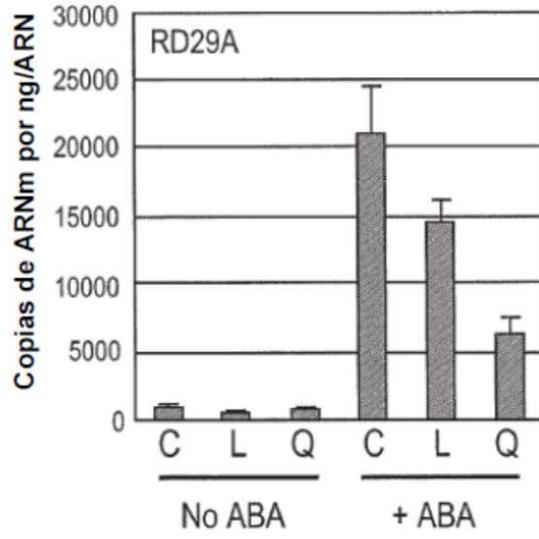


FIG. 2D

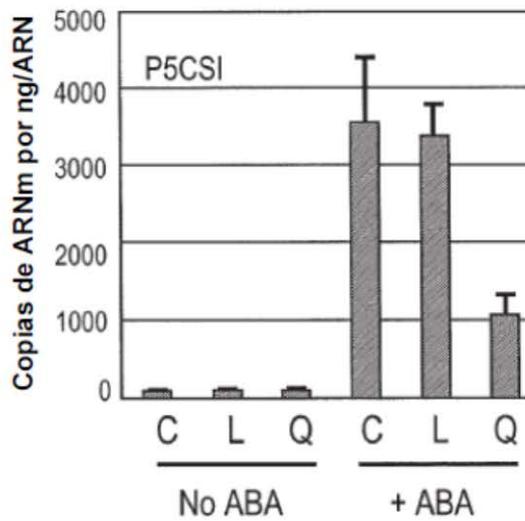
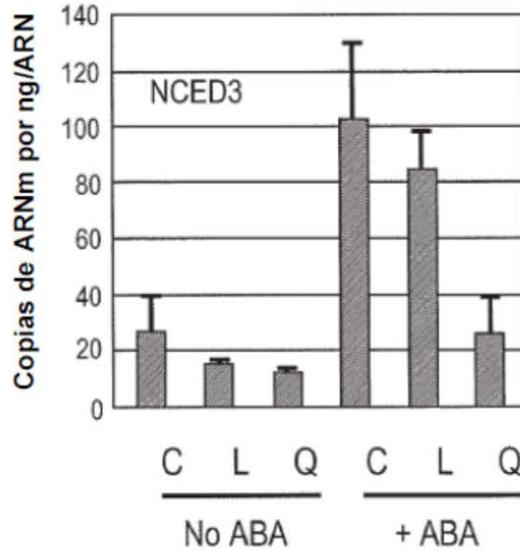


FIG. 2E

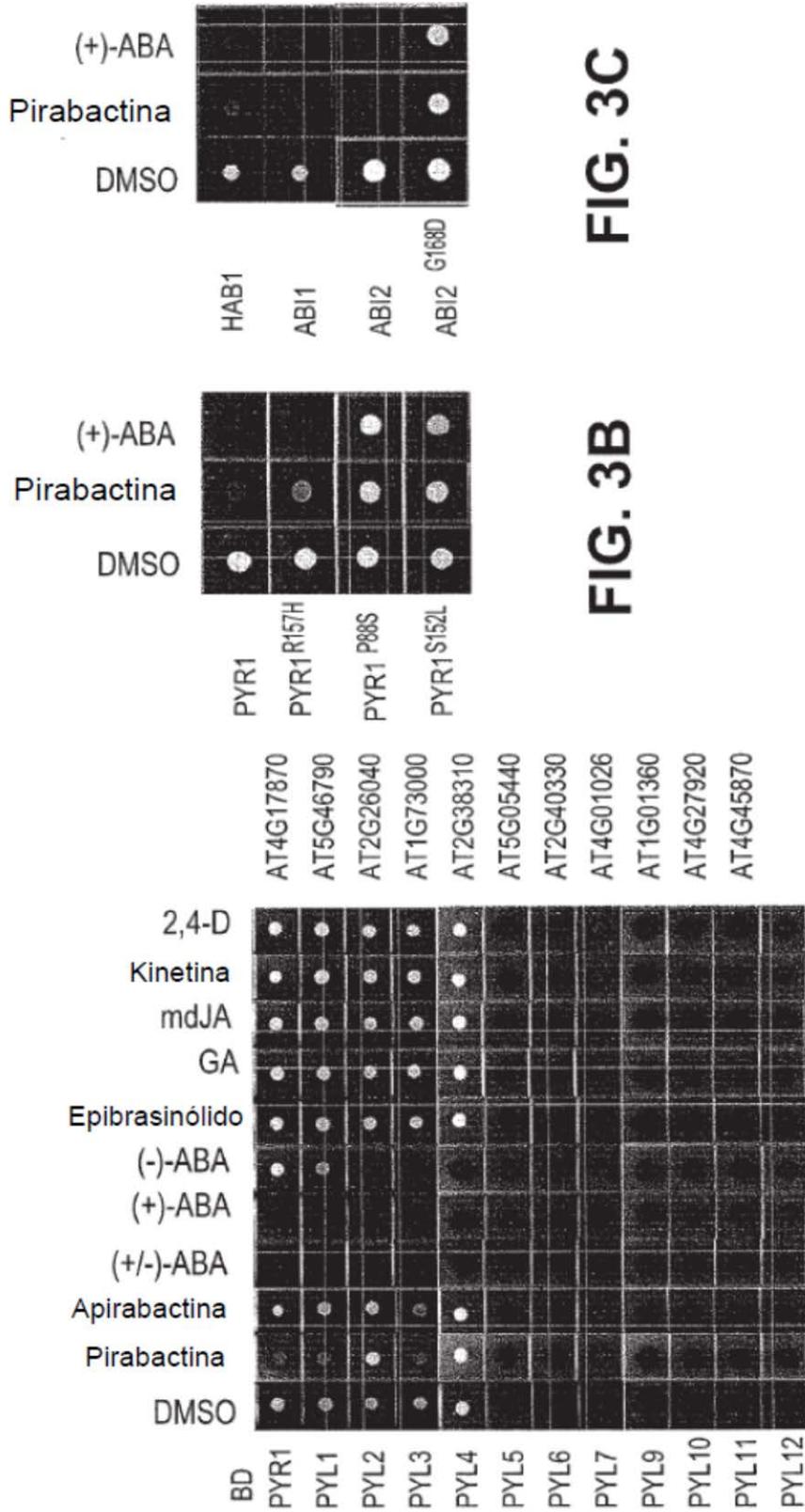
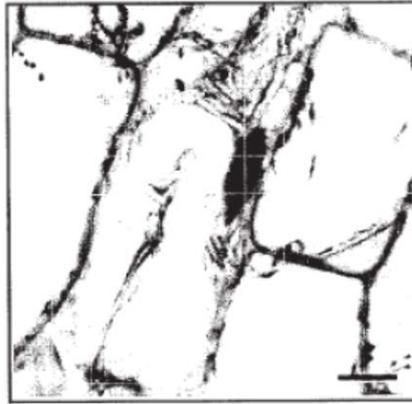


FIG. 3C

FIG. 3B

AD-HABI
FIG. 3A



35S::GFP-PYR1

FIG. 4

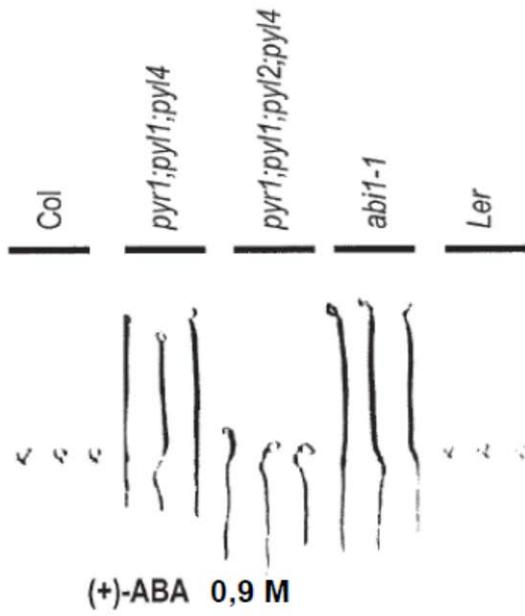


FIG. 5A

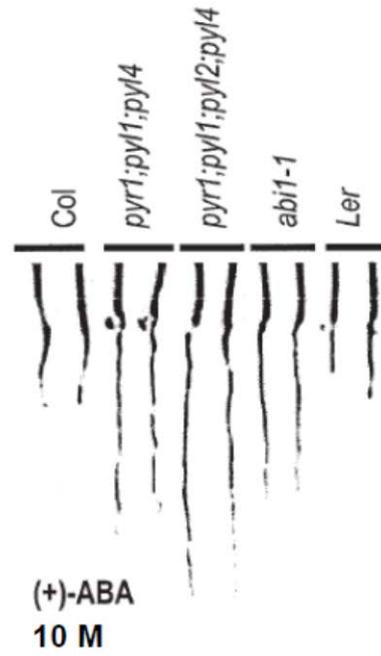


FIG. 5B

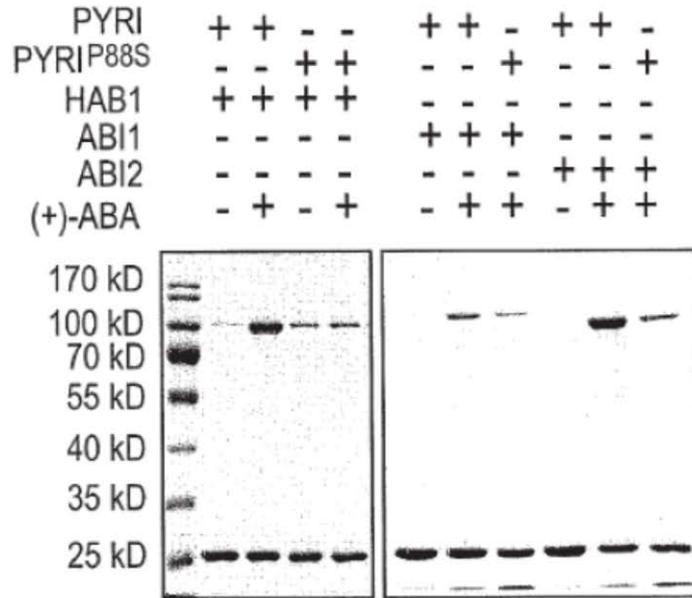


FIG. 6A

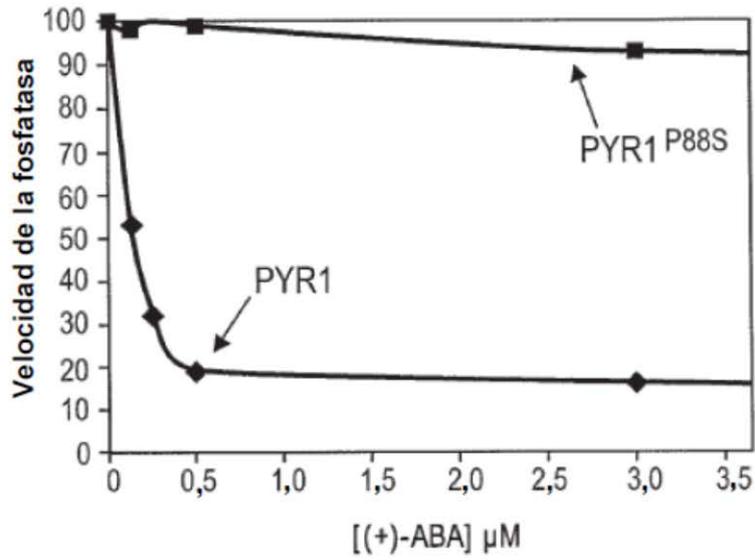


FIG. 6B

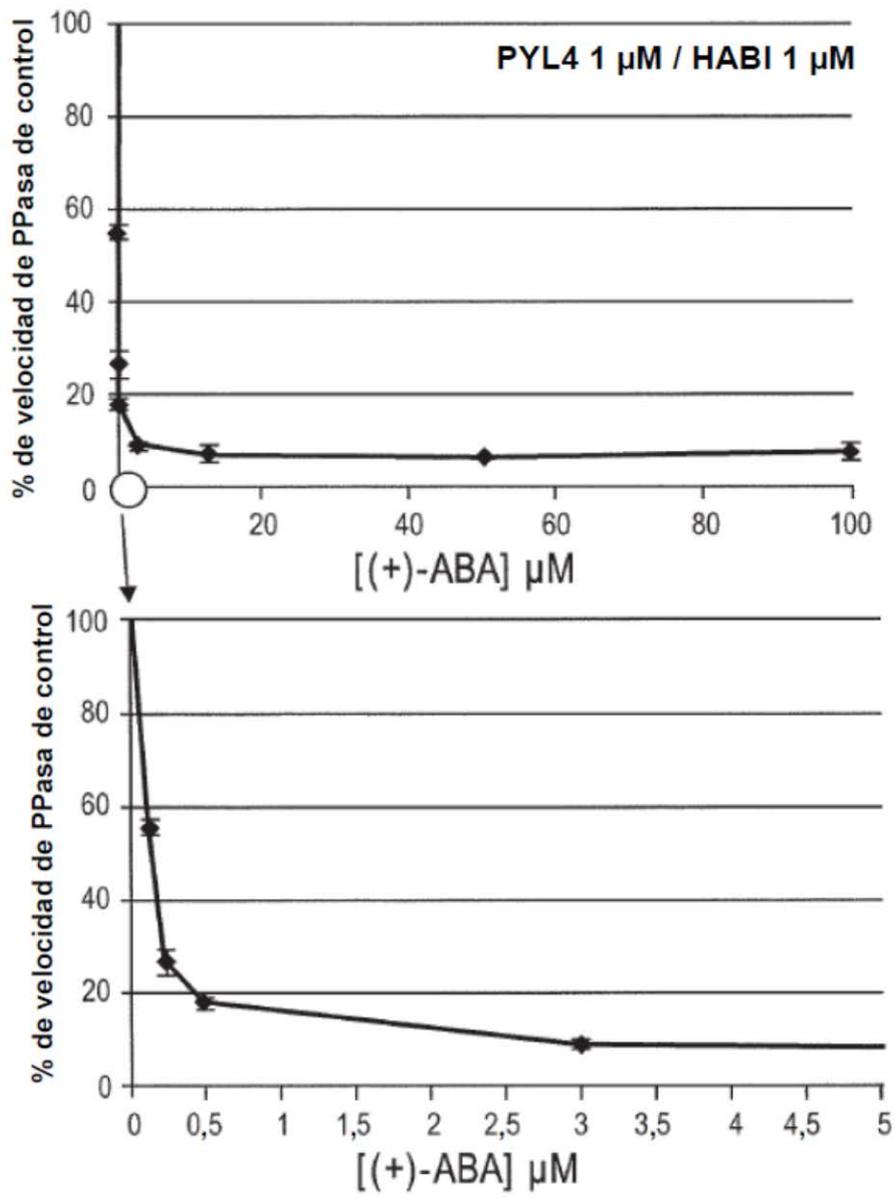


FIG. 6C

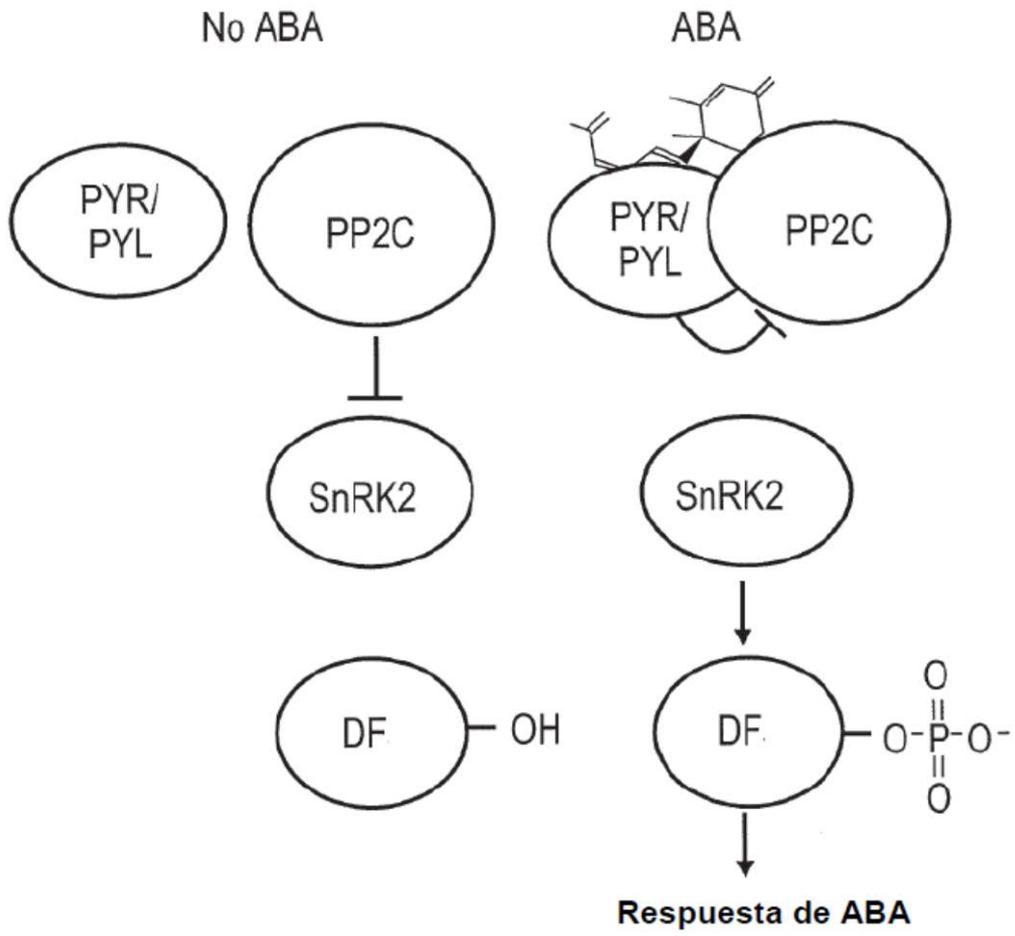


FIG. 7

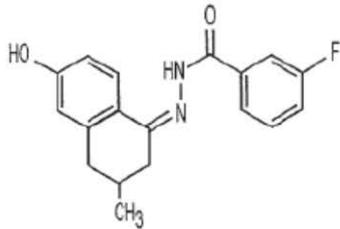
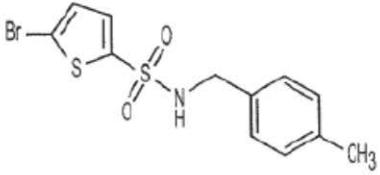
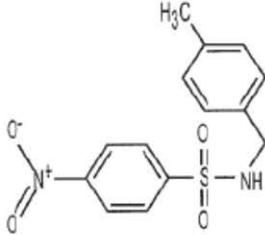
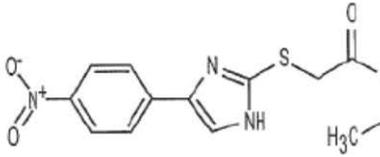
Entrada	Compuesto	Respuesta del receptor potente al compuesto				
		PYR1	PYRL1	PYL2	PYL3	PYL4
1		+	+	+	+	+
2		+	+	-	+	-
3		-	-	-	+	+
4		-	+	-	+	+
5		-	+	-	-	-
6	 #6655097	+	+	-	-	+

FIG. 8

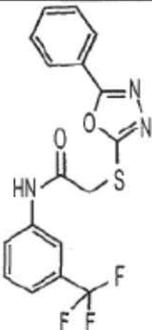
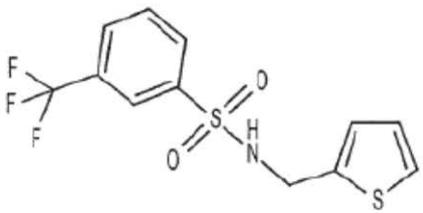
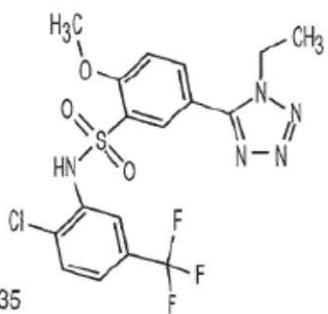
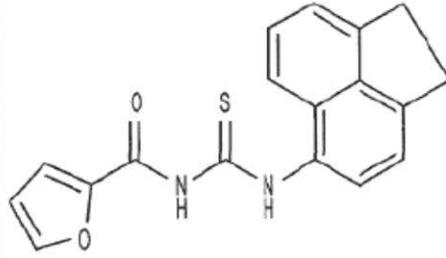
Entrada Compuesto		Respuesta del receptor potente al compuesto				
		PYR1	PYRL1	PYL2	PYL3	PYL4
7	#7563159 	+	+	-	-	-
8		-	-	-	+	-
9	#7561035 	-	-	-	+	-
10		-	-	-	+	-

FIG. 8 (cont.)

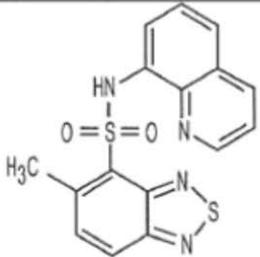
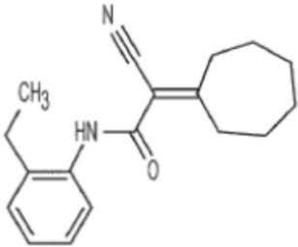
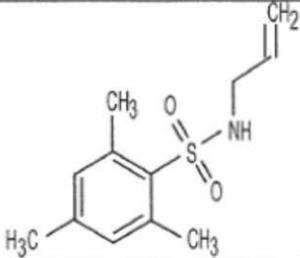
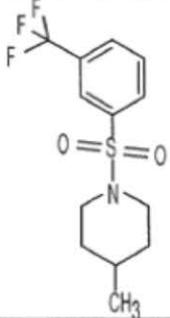
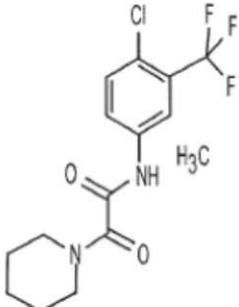
Entrada	Compuesto	Respuesta del receptor potente al compuesto				
		PYR1	PYRL1	PYL2	PYL3	PYL4
11		-	-	-	+	-
12		-	-	-	+	+
13		-	-	-	+	+
14		-	-	-	+	+
15		-	-	-	+	+

FIG. 8 (cont.)

Entrada	Compuesto	Respuesta del receptor potente al compuesto				
		PYR1	PYRL1	PYL2	PYL3	PYL4
16		-	-	-	+	-
17		-	-	-	+	-
18		-	-	+	+	+
19		-	-	+	+	+

FIG. 8 (cont.)

Compuesto	Receptor			
	PYR1	PYL1	PYL2	PYL3
(+)-ABA	0,2	0,2	0,1	0,1
Pirabactina	0,4	0,6	>50	>50
7653159	0,5	0,55	>50	>50
6655097	0,4	0,5	>50	>50
7561035	>50	>50	4	5

Los valores de CI_{50} se muestran en μM

Medidos usando la proteína PYR/PYL indicada (es decir, el receptor) y el PP2C HAB1 con el sustrato de fosfatasa pNPP

FIG. 9

Rasgo	Control	PYL4-OE	Cuádruple lof
Momento de la floración	++	+	+++
Estatura	+++	++	+
Contenido de clorofila	+	++	+
Marchitamiento	++	+	++++

Flores tarde, verde oscura, menos marchita Flores pronto, planta pequeña, muy marchita

Cuádruple = mutante del cuádruple *pyr1/pyl1/pyl2/pyl*

PYL4-OE = Plantas de *Arabidopsis* transgénicas con activación del promotor Rbcs GFP-PYL4, Rbcs = subunidad pequeña de subisco (promotor de alta expresión)

FIG. 10

FIG. 11A

Alineación

```

PYR1          -----MPSELTPEERSE-----LKNsIAEFHTY 23
PYL1  MANSESSSPVNEEENSQRISTLHHQTMPSDLTQDEFTQ-----LSQSIAEFHTY 50
PYL2  -----MSSSPAVKGLTDEEQKT-----LEPVIKTYHQF 28
PYL3  -----MNLAPIHDPSSSSTTTTSSSTPYGLTKDEFST-----LDSIIRTHHTF 43
PYL4  -----MLAVHRPSSAVSDG-DSVQIPMMIASFQKRFPPLSR-----DSTAARFHTH 45
PYL5  -----MRSVPQLQHGSDATNGF-HTLQPHDQTDGPIKRV-CLTRGMH-VPEHVAMHHHTH 51
PYL6  -----MPTSIQFQRSSTAEEAANAIVRNYPHHHQKQVKVSLTRGMADVPEHVELSHTH 54
PYL7  -----MEMIGGDDTDTEMYGALVT-----AQLRLRLHLH 29
PYL9  -----MMDGVEGGTAMYGGLET-----VQYVTRTHHQH 27
PYL10 -----MNGDE-----TKKVE-----SEYIKKHHRH 20
PYL8  -----MEANGIEN--LTNPNQE-----REFIRRHKKH 25
PYL11 -----MET 3
PYL12 -----MKT 3
PYL13 -----MES 3

```

```

ALL_Con
1_12_Con
1_6_Con
7_10_Con
11_13_Con

```

```

Hxx
HxH

```

FIG. 11B

```

PYL1  QLDPGSCSSLHAQRIHAPPELVWSIVRRFDKPKQTYKHFIKSCSVEQNFE-----RVGCT 78
PYL1  QLGNGRCSSLLAQR IHAPPETVWSVRRFRDPQIYKHFIKSCNVSEDFEM-----RVGCT 105
PYL2  EPDPTTCTSLITQRIHAPASVWVPLIRRFDPNPERYKHFVKRCL- I S D G-----DVGSV 82
PYL3  PRSPNTCTSLIAHRVDAPAHAIWRVFRDFANPNKYKHFIKSC TIRVNGNGI KE- I K V G T I 102
PYL4  EVGPNQCCSAVIQEI SAP I STVWSVRRFDNPOAYKHFLKSCSVIGGDGN-----VGS L 100
PYL5  DVGPDQCCSSVVQMIHAPESVWALVRRFDNPKVYKNFIRQCRIVQDGLH-----VGD L 106
PYL6  VVGPSQCFVSVVQDVEAPVSTVWSILSRFEHPQAYKHFKVKSCHVVIDGRE-----VGSV 109
PYL7  HCRENQCTSVLVKYIQAPVHLVWSLVRFRDQPKYKPFISRCTVNG-DP-----EIGCL 82
PYL9  LCRENQCTSA LVKHIKAPLHLVWSLVRFRDQPKYKPFVSRCTVIG-DP-----EIGSL 80
PYL10  ELVESQCSSTLVKHIKAPLHLVWSIVRRFDEPKYKPFISR CVVQKKL-----EVGSV 74
PYL8  ELVDNQCSSTLVKHI NAPVHIVWSLVRFRDQPKYKPFISR CVVKG-NM-----EIGTV 78
PYL11  SQKYHTCGSTLVQTTIDAPLSLVWSILRRFDNPOAYKQFVKT CNLSSGDGG-----EGSV 57
PYL12  SQEQHVCGSTVVQTTINAPLPLVWSILRRFDNPKTFKHFVKTCKLRSGDGG-----EGSV 57
PYL13  S-KQKRCRSSVETIEAPLPLVWSILRSFDKPOAYQRVFKSCTMRSGGGGKGEGKGSV 62
* * . : ** : * . : * . * : : : * : * :
ALL_Con CxSxxxxxxxAPxxxxWxxxxxFxxPxxxxxFxxx C Gxx
1_12_Con CxSxxxxxxxAPxxxxWxxxxxFxxPxxxxKxFxxx C Gxx
1_6_Con xxxxxx CxSxxxxxxxAPxxxxWxxxxxFxxPxxYKxFxxx Vgxx
7_10_Con xxxxxxQ CxSLVKxIxAPxHxVWSxVRRFDxPQKYKPFxSR CxVxGx ExGxx
11_13_Con CxSxxVxTxAPLxLVWSILRxFDxPxxxxxFV KxCxxxSGxGG GSV

```

FIG. 11C

```

PYL1 RDVVISGLPANTSTERLDILDDERRVVTGFSIIGGEHRLTNYKSVTTVHRFEKEN----- 133
PYL1 RDVNVISGLPANTSRERLDLDDRRRVTGFSITGGEHRLRNYKSVTTVHRFEKEEEEE-- 163
PYL2 REVTVISGLPASTSTERLEFVDDHRVLSFRVVGGEHRLKNYKSVTSVNEFLNQDSGK-- 140
PYL3 REVSVSGLPASTSVEILEVLDEEKRIILSFRVLGGEHRLNRYRSVTSVNEFVLEKDKKK 162
PYL4 RQHVVSGLPAASSTERLDILDDERHVISFSVVGGDHRLSNYRSVTTLHPSPISG----- 155
PYL5 REVMVVSGLPAVSSTERLEILDEERHVISFSVVGGDHRLKNYRSVTTLHASDDEG----- 161
PYL6 REVRVVSGLPAAFSLERLEIMDDRRHVISFSVVGGDHRLMNYKSVTTVHESEEDSDGK-- 167
PYL7 REVNKSGLPATTSTERLEQLDDEEHILGINIIGGDHRLKNYSSILTVHPEMIDGR---- 138
PYL9 REVNKSGLPATTSTERLELLDDEEHILGIKIIGGDHRLKNYSSILTVHPEIIEGR---- 136
PYL10 REVDLKSGLPATKSTEVELEILDNEHILGIRIVGGDHRLKNYSSITSLHSETIDGK---- 130
PYL8 REVDVKSGLPATRSTERLELLDNEHILSIRIVGGDHRLKNYSSIIISLHPETIEGR---- 134
PYL11 REVTVVSGLPAEFSRERLDELDESHVMMISIIIGGDHRLVNYRSKTMAFVAADTEE---- 113
PYL12 REVTVVSDLPASFSLERLDELDESHVMVISIIIGGDHRLVNYQSKTTFVAAE-EE---- 112
PYL13 RDVTLVSGFPADFSTERLEELDDDESHVMVVISIIIGGNHRLVNYKSKTKVVASPE----- 115
*:* : *.:*** * * * * : * * * * : * * * * : * * * * * * * * * * *

ALL_Con RxVxxxSxxPAXxxSxxExLxxxxD GGxHRLxNYxS
1_12_Con RxVxxxSxLPAXxxSxxExLxxxxD GGxHRLxNYxS
1_6_Con RxVxVxSGLPAXxxSxxExLxxxxDxxxxxxxFxxxGGxHRLxNYxSVT
7_10_Con REVxxKSGLPATxSTExLExLDDxHILxIxIxGGDHRLKNYSSxxxxHxExIxGx
11_13_Con RxVTxVVSxxPAXxFSxERLxELDDESHVMMxxSIIIGGxHRLVNYxSKT

```

FIG. 11D

PYL1	RIWTVVLESYVVDMP	EGNSEDDTRMFADT	VVKLNQKLATVAEAM	ARNSGDGSQVT--	191		
PYL1	RIWTVVLESYVVDV	PEGNSEEDTRLFAD	TVIRLNLQKLASIT	EAMNRRNNNNSSQVR--	221		
PYL2	-VYTVVLESYTV	DIPEGNTEEDTKMF	VDTVVKLNQKLGL	VAATSAPMHDD	190		
PYL3	RVYSVLESYIV	DIPOGNTEEDTRM	FVDTVVKSNLQNL	LAVISTASPT-----	209		
PYL4	---TVV	VESYVVDVPPGNT	KEETCDFVDVI	VRCNLQSLAKIAE	NTAAESKKMSL-----	207	
PYL5	---TVV	VEYIVDVP	PGNTEETLSF	VDTIVRCNLQSL	ARSTNRQ-----	203	
PYL6	-KRTR	VVESYVVDVP	PAGNDKEETCS	FADTIVRCNLQ	SLAKLAENTSKFS-----	215	
PYL7	-SGTM	MESFVVDVP	QGNTKDDTCY	FVESLIKCNL	KSLACVSE	RLAAQDITNSIATFCNA	197
PYL9	-AGTM	VIESFVVDVP	QGNTKDETCY	FVEALIRCNL	KSLADVSE	RLASQDITQ-----	187
PYL10	-TGTL	AIESFVVDV	PEGNTKEETCF	FVEALIQCNL	NSLADVTE	RLQAES-MEKKI-----	183
PYL8	-IGTL	VIESFVVDV	PEGNTKDETCY	FVEALIKCNL	KSLADISER	LAVQD'TTESRV-----	188
PYL11	--KT	VVESYVVDV	PEGNSEETTS	FADTIVGFNL	KSLAKLSE	RV AHLKL-----	161
PYL12	--KT	VVESYVVDV	PEGNTEETTL	FADTIVGCN	LRSLAKL	SEKMMELT-----	159
PYL13	-----	-----	-----	-----	DMAK-----	-----	119

..

ALL_Con	ESxxVDxPxGNxxxxTxxFxXXXXXXXXNLxxL
1_12_Con	VxESYxVDxPxGNxxxxTxxFxXXXXXXXXNLQxL
1_6_Con	xGTxxxESFVVDVPxGNTKxxTCxFVExLixCNLxSLAxxxERL
7_10_Con	
11_13_Con	

FIG. 11E

PYR1	-----
PYL1	-----
PYL2	-----
PYL3	-----
PYL4	-----
PYL5	-----
PYL6	-----
PYL11	-----
PYL12	-----
PYL13	-----
PYL7	SNGYREKNHTEINL 211
PYL9	-----
PYL10	-----
PYL8	-----

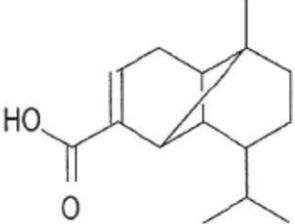
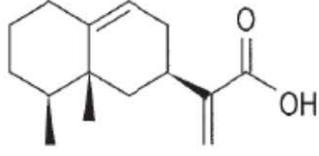
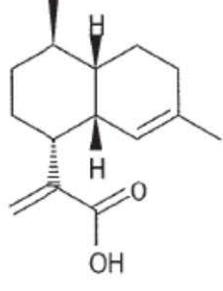
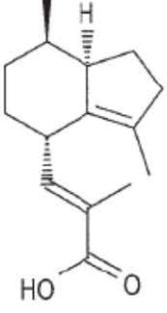
COMPUESTO	PYR1	PYL2	PYL3	PYL4
	ND	+	+++	+++
	-	-	++	++
	-	-	++	++
	-	-	+	+

FIG. 12

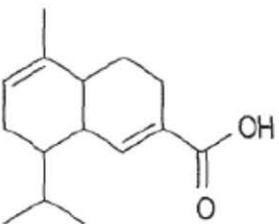
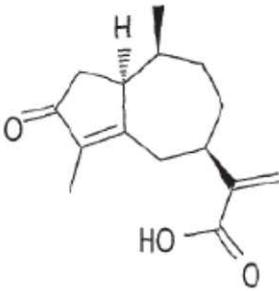
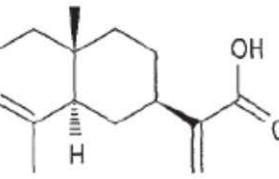
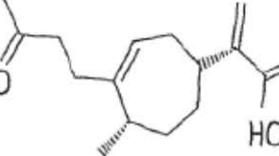
 A bicyclic system consisting of two fused six-membered rings. The left ring has a methyl group at the top and an isopropyl group at the bottom. The right ring has a double bond and a carboxylic acid group (-COOH) attached to it.	-	-	+	+
 A complex bicyclic system with a seven-membered ring fused to a six-membered ring. It features a methyl group, a hydrogen atom with a dashed bond, a carbonyl group, and a carboxylic acid group (-COOH) with a vinyl group attached to the ring.	-	-	+	+
 A bicyclic system with two fused six-membered rings. It has a methyl group, a hydrogen atom with a dashed bond, and a carboxylic acid group (-COOH) with a vinyl group attached to the ring.	-	-	+	+
 A bicyclic system with two fused six-membered rings. It has a methyl group, a hydrogen atom with a dashed bond, and a carboxylic acid group (-COOH) with a vinyl group attached to the ring.	-	-	+	+

FIG. 12 (cont.)