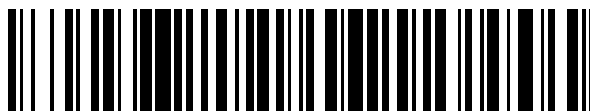


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 628 436**

51 Int. Cl.:

C12N 15/113 (2010.01)

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **03.10.2012 PCT/EP2012/069521**

87 Fecha y número de publicación internacional: **11.04.2013 WO13050410**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **03.10.2012 E 12766987 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **29.03.2017 EP 2764101**

54 Título: **ARNi para el control de hongos y oomicetos por la inhibición del gen de sacaropina deshidrogenasa**

30 Prioridad:

04.10.2011 EP 11356013

18.06.2012 US 201261661062 P

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

02.08.2017

73 Titular/es:

**BAYER INTELLECTUAL PROPERTY GMBH
(100.0%)
Alfred-Nobel-Strasse 10
40789 Monheim, DE**

72 Inventor/es:

**DELEBARRE, THOMAS;
DORME, CÉCILE;
ESSIGMANN, BERND;
SCHMITT, FRÉDÉRIC;
VILLALBA, FRANÇOIS y
PAGET, ERIC**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 628 436 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

ARNi para el control de hongos y oomicetos por la inhibición del gen de sacaropina deshidrogenasa

La presente invención se refiere al control de patógenos y plagas de plantas, en particular hongos u oomicetos, mediante la inhibición de una o múltiples funciones biológicas, particularmente inhibiendo el gen fúngico de sacaropina deshidrogenasa que interviene en la ruta de α -aminoacido para la síntesis de lisina, y sus homólogos de oomicetos, usando la interferencia de ARN.

La invención proporciona procedimientos y composiciones que utilizan la interferencia de ARN de genes diana de hongos u oomicetos para lograr dicho control. La invención también se dirige a procedimientos para convertir las plantas transgénicas en tolerantes a dichos hongos u oomicetos, así como a plantas transgénicas y semillas generadas a partir de las mismas.

La tecnología usada en el contexto de la presente invención es el ARN de interferencia o ARNi.

La expresión en un organismo de una secuencia homóloga a un gen diana, capaz de inducir la formación de un pequeño ARN de doble cadena (ARNdc) hace posible, de manera muy específica, extinguir este gen y observar el fenotipo resultante (Xiao y col., 2003).

El ARNdc desencadena la degradación específica de un ARN homólogo solamente en la región de identidad con el ARNdc (Zamore y col., 2000; Tang y col., 2003). El ARNdc es una molécula de ARN que contiene una secuencia bicatenaria, habitualmente de al menos 19 pares de bases (pb), que incluye una cadena con sentido y una cadena antisentido. Las moléculas de ARNdc se caracterizan también por un muy alto grado de complementariedad entre las dos cadenas complementarias de ARN. El ARNdc se degrada en fragmentos de ARN de, por lo general, 18 a 25 nucleótidos (ARN de interferencia pequeño [ARNip]) y los sitios de escisión del ARN diana están separados uniformemente por 18 a 25 nucleótidos. Los pequeños ARNip resultantes exhiben un grado de identidad muy alto con respecto al ARN diana; sin embargo, desajustes de 3 a 4 nucleótidos entre el ARNip y la porción correspondiente del ARN diana hacen posible el funcionamiento del sistema (Tang y col., 2003). Por lo tanto, se ha sugerido que estos fragmentos de 18 a 25 nucleótidos constituyen guías de ARN para el reconocimiento de la diana (Zamore y col., 2000). Estos ARN pequeños también se han detectado en extractos preparados a partir de células Schneider 2 de *Drosophila melanogaster* que habían sido transfectadas con ARNdc antes de la lisis celular (Hammond y col., 2000). La función de guía de los fragmentos de 18 a 25 nucleótidos en la escisión del ARNm viene avalada por la observación de que estos fragmentos de 19 a 25 nucleótidos aislados de ARNdc pueden participar en la degradación del ARNm (Zamore y col., 2000). También se acumulan considerables moléculas homólogas de ARN en los tejidos vegetales que están sometidos al fenómeno PTGS (siglas en inglés de Silenciamiento Génico Postranscripcional, Hamilton y Baulcome, 1999). Estos pequeños ARN pueden regular la expresión génica a tres niveles diferentes:

- transcripción (Silenciamiento Génico Transcripcional [TGS]),
- degradación del ARN mensajero (Silenciamiento Génico Postranscripcional [PTGS]),
- ruta de miARN
- traducción.

La regulación que implica la degradación del ARN mensajero parece existir en todos los eucariotas, si bien la regulación a nivel transcripcional solo se ha descrito en mamíferos, plantas, drosófila y *C. elegans*. En lo que respecta a la regulación de la traducción, se ha caracterizado en *C. elegans* y drosófila y parece existir también en el mamífero (Hannon, 2002) y plantas (Ruiz Ferrer y Voinnet, 2009). En la bibliografía, se hace referencia al ARNi, a PTGS, a la co-supresión o a la extinción (reservada para los hongos) cuando se trata este fenómeno, dependiendo de los organismos en los que se estudia.

De manera particular, el ARNi ha demostrado ser eficaz cuando se inyecta ARN de doble cadena (ARNdc) en el nematodo *Caenorhabditis elegans* (Fire y col. 1998; Montgomery y col., 1998; documento WO 99/32619). También se ha observado inhibición de la expresión de un gen diana de insecto cuando dicho insecto se alimenta con bacterias que expresan ARN pequeños de doble cadena, correspondientes al gen diana de dicho insecto (documento WO 01/37654).

Más recientemente, se han dado a conocer composiciones farmacéuticas que comprenden ARNdc, que es sustancialmente complementario con al menos una parte de un gen del que se sospecha que esté implicado en la infección por el virus del papiloma humano (HPV), junto con un vehículo farmacéuticamente aceptable, para el tratamiento de dicha infección de HPV (documento WO 2009/0247607).

La introducción del ARNdc se ha llevado a cabo en plantas, con el fin de inducir el silenciamiento de un gen diana endógeno (Hamilton y col., 1998, documento WO 99/15682), para inducir resistencia a virus de ARN a través del uso de un transgén que expresa un ARNdc que posee una identidad sustancial con respecto a los genes víricos (Waterhouse y col., 1998; Pandolfini y col., 2003, documentos WO 98/36083, WO 99/15682, US 5.175.102), pero también para inducir resistencia contra nematodos (Chuang y Meyerowitz, 2000, documento WO 01/96584) o, de manera alternativa, a la bacteria *Agrobacterium* (documento WO 00/26346, Escobar y col., 2001). Houmard Nancy M y col. (Plant Biotechnology Journal, 2007, 5, pág. 605-614) **han desvelado maíz transformado con un constructo**

que codifica un ARNdc que se dirige a la lisina-cetoglutarato reductasa/sacaropina deshidrogenasa endógena bifuncional. Más recientemente, se ha demostrado que las plantas que expresan ARNdc con una identidad sustancial frente a un gen fúngico esencial para el crecimiento del hongo, o para su patogenicidad, puede inducir también resistencia contra ese hongo (documento WO 05/071091).

5 Sin embargo, desde esa época solo se dispone de unos pocos resultados preliminares y no existe ningún ejemplo comercial de la resistencia o tolerancia mediada por ARNi frente a los hongos fitopatógenos, en los que se expresan moléculas de ARN de doble cadena (ARNdc) o de ARN de interferencia pequeño (ARNip) en la planta, o que se apliquen como parte de una composición externa a la semilla, la planta o al fruto de la planta, al suelo o a un sustrato inerte en el que crece o se desea que crezca la planta.

10 Entre otras, una dificultad es encontrar un gen diana apropiado, cuya inhibición mediante ARNdc o ARNip induzca un buen grado de tolerancia a los hongos, hasta alcanzar un nivel adecuado para el uso comercial, sin que se produzcan efectos perjudiciales en la planta que expresa dicho ARNdc o ARNip, o sobre la que se aplique una composición que comprenda dichos ARNdc o ARNip.

15 En su tesis doctoral, C. Stärkel ["Host induced gene silencing - strategies for the improvement of resistance against *Cercospora beticola* in sugar beet (*B. vulgaris* L.) and against *Fusarium graminearum* in wheat (*T. aestivum* L.) and maize (*Z. mays* L.)", defendida en junio de 2011], intentó inhibir el crecimiento de *Fusarium graminearum* mediante la transformación del trigo con construcciones silenciadoras que tienen como diana el gen de la homoaconitasa, un gen esencial en la ruta de la biosíntesis de lisina. No obstante, no fue posible generar plantas de trigo transgénico. Además, también fracasó el intento de eliminar o silenciar el gen de la homoaconitasa en *Fusarium graminearum* por la transformación del hongo con una construcción diseñada para el silenciamiento inducible del gen de la homoaconitasa.

20 Los presentes inventores han demostrado sorprendentemente que la inhibición del gen de la sacaropina deshidrogenasa de hongos u oomicetos, que participa en la ruta del α -aminoadipato (AAA), mediante la metodología ARNi, provoca el cese de infección, crecimiento, desarrollo, reproducción y/o patogenicidad y termina finalmente en la muerte del organismo.

Esta nueva diana para la tecnología ARNi es particularmente apropiada, considerando que la ruta AAA se encuentra de forma específica en algunos patógenos vegetales que incluyen hongos superiores, y no en plantas, humanos y animales.

25 Entre los 20 aminoácidos proteinogénicos comunes, la L-lisina es el único del que se sabe que posee una ruta biosintética que difiere en plantas y en hongos superiores. En plantas y bacterias, la L-lisina se obtiene a través de la ruta del diaminopimelato (DAP). En hongos superiores y euglenoides, la L-lisina se obtiene a través de la ruta del α -aminoadipato (AAA). La Sacaropina deshidrogenasa, la homocitrato sintasa, la homoaconitasa, la homoisocitrato deshidrogenasa, la α -aminoadipato aminotransferasa, la α -aminoadipato reductasa y la sacaropina reductasa son enzimas que intervienen en la ruta del α -aminoadipato para la biosíntesis de L-lisina.

30 Ninguna de las enzimas implicadas en estas dos rutas diferentes (rutas DAP y AAA) es común (Xu y col., 2006, Bhattacharjee, J. K., 1985; Bhattacharjee, J. K., 1992; Vogel, H. J., 1965). Por ejemplo, la sacaropina deshidrogenasa fúngica está implicada en la biosíntesis de lisina, cuando la lisina-cetoglutarato de la planta, denominada en ocasiones también sacaropina deshidrogenasa, es responsable del catabolismo de la lisina (Houmar y col., 2007). En el ser humano y en animales, la L-lisina es un aminoácido esencial que solo se puede obtener a partir de proteínas de la dieta. Adicionalmente, las enzimas que intervienen en la ruta AAA fúngica son exclusivas para la síntesis de lisina (Umbargar, H. E., 1978; Bhattacharjee, J. K., 1992).

35 La presencia de una ruta específica de α -aminoadipato (AAA) en hongos superiores, que no se encuentra presente en plantas, humanos ni animales, conduce a considerar que las enzimas que participan en dicha ruta AAA constituyen dianas especialmente atractivas para el control de los patógenos vegetales, en particular de los patógenos fúngicos.

40 De manera interesante, aunque se ha informado de que la lisina se sintetiza en oomicetos a través de la ruta diaminopimélica (Born y Blanchard, 1999), se han hallado en oomicetos genes homólogos a los genes de hongos de la ruta AAA, lo que podría indicar que ambas rutas podrían encontrarse presentes en los oomicetos. Los inventores han demostrado que el ARNdc contra el gen de la sacaropina deshidrogenasa del oomiceto reduce sustancialmente el crecimiento de dicho oomiceto, y que las plantas que expresan ARNdc contra los genes de sacaropina deshidrogenasa de oomiceto podrían ser menos susceptibles a la infección por dichos oomicetos.

45 La presencia de la ruta AAA para la biosíntesis de lisina se ha demostrado y estudiado, por ejemplo, en *Saccharomyces cerevisiae* (Broquist, H. P., 1971, Bhattacharjee, J. K., 1992), en el hongo patógeno para humanos *Candida albicans* (Garrad, R. C. y Bhattacharjee, J. K., 1992), y en el patógeno vegetal *Magnaporthe grisea* (Umbargar, H. E., 1978). Las enzimas sacaropina deshidrogenasa implicadas en la ruta AAA se han estudiado ampliamente y se han comparado en diferentes organismos, y el experto en la materia conoce bien sus características técnicas, incluidas sus secuencias de nucleótidos y aminoácidos, la cinética, especificidad de sustrato, función, estructura 3D, así como la forma de purificarlas y caracterizarlas (véase Xu y col., 2001, cuyo contenido se incorpora al presente documento como referencia). En bases de datos de acceso público tales como genBank se describen y están disponibles numerosos genes de diferentes hongos u oomicetos, así como sus datos de secuencia.

Randall, T.A. y col. (2005) informan de una lista de genes de la ruta AAA del oomiceto *Phytophthora infestans*, identificado por sus números de acceso y los datos de secuencia de los mismos, que se incorporan en el presente documento como referencia, y que se encuentran disponibles en base o bases de datos de acceso público (Randall, T.A., 2005, MPMI, 18, 229-243; véase, en especial, la tabla 8, pág. 239).

5 En una realización, la presente invención proporciona una molécula de ARNdc que comprende 1) una primera cadena, que comprende una secuencia sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos de un gen de hongo u oomiceto, y 2) una segunda cadena que comprende una secuencia sustancialmente complementaria con la primera cadena, en donde dicho gen de hongo u oomiceto es un gen de sacaropina deshidrogenasa.

10 Como se usa en el presente documento, "ARNi" o "ARN de interferencia" hace referencia al procedimiento de silenciamiento génico específico para secuencias, mediado por ARN de doble cadena (ARNdc). Como se usa en el presente documento, "ARNdc" o "molécula de ARNdc" hace referencia a ARN que muestra parcial o totalmente una doble cadena. El ARN de doble cadena también se designa ARN de interferencia pequeño o corto (ARNip), ácido nucleico de interferencia corto (ANic), ARN de interferencia corto, micro-ARN (miARN), ARN de interferencia circular (ARNic), ARN "en horquilla" corto (ARNhc) y similares.

15 Como se usa en el presente documento, y teniendo en consideración la sustitución de timina por uracilo durante la comparación de secuencias de ARN y ADN, la expresión "sustancialmente idéntico" o "esencialmente homólogo" aplicado al ARNdc significa que la secuencia de nucleótidos de una cadena del ARNdc es idéntica en al menos aproximadamente el 80 %, al menos el 85 %, a 18 o más nucleótidos contiguos del gen diana, más preferentemente idéntica en al menos aproximadamente el 90 % a 18 o más nucleótidos contiguos del gen diana y, de forma especialmente preferida, idéntica en al menos aproximadamente el 95 %, el 96 %, el 97 %, el 98 % o el 99 % o absolutamente idéntica a 18 o más nucleótidos contiguos del gen diana. 18 o más nucleótidos significa una porción que tiene al menos aproximadamente 18, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 50, 100, 200, 300, 400, 500, 1000, 1500, o 2000 bases consecutivas, o hasta la longitud total del gen diana.

25 Como se usa en el presente documento, polinucleótidos "complementarios" son aquellos que son capaces de un apareamiento de bases según las reglas convencionales de complementariedad de Watson-Crick. De manera específica, las purinas se aparearán con bases de pirimidina para formar una combinación de guanina apareada con citosina (G:C) y adenina apareada con timina (A:T), en el caso de ADN, o adenina apareada con uracilo (A:U) en el caso de ARN. Se entiende que dos polinucleótidos pueden hibridar entre sí aun cuando no sean totalmente complementarios, con la condición de que cada uno de ellos tenga al menos una región que sea sustancialmente complementaria con la otra. Como se usa en el presente documento, la expresión "sustancialmente complementario" significa que dos secuencias de ácidos nucleicos son complementarias a lo largo de al menos 80 % de sus nucleótidos. Preferentemente, las dos secuencias de ácidos nucleicos son complementarias a lo largo de al menos 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de todos sus nucleótidos. De forma alternativa, "sustancialmente complementario" significa que dos secuencias de ácidos nucleicos pueden hibridar bajo condiciones muy rigurosas. Como se usa en el presente documento, la expresión "sustancialmente idéntico" o "correspondiente a" significa que dos secuencias de ácidos nucleicos tienen una identidad de secuencia de al menos 80 %. Preferentemente, las dos secuencias de ácidos nucleicos tienen una identidad de secuencia de al menos 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o 100 %.

30 También como se usa en el presente documento, las expresiones "ácido nucleico" y "polinucleótido" hacen referencia a ARN o ADN que es lineal o ramificado, de cadena sencilla o doble, o a un híbrido de los mismos. La expresión abarca también híbridos de ARN/ADN. Cuando se produce ARNdc de forma sintética, se pueden usar también bases menos frecuentes tales como inosina, 5-metilcitosina, 6-metiladenina, hipoxantina y otras para el apareamiento antisentido de ARNdc y el apareamiento de ribozima. Por ejemplo, se ha demostrado que los polinucleótidos que contienen análogos C-5 propina de uridina y citidina se unen al ARN con mayor afinidad, y son potentes inhibidores del antisentido de la expresión génica. Asimismo, se pueden efectuar otras modificaciones del esqueleto de enlaces fosfodiéster, ácido nucleico bloqueado, o el resto 2'-hidroxi en el grupo de azúcar ribosa del ARN.

35 De acuerdo con la invención, la primera y la segunda cadenas pueden tener tamaños idénticos. De manera alternativa, el tamaño de la primera cadena puede ser mayor que el de la segunda cadena. Por ejemplo, el tamaño de la primera cadena puede ser aproximadamente 200 nucleótidos mayor que el tamaño de la segunda cadena. En otro aspecto de la invención, el tamaño de la segunda cadena es mayor que el de la primera cadena.

40 De acuerdo con la invención, la molécula de ARNdc comprende una primera cadena que comprende una secuencia sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos de un gen de sacaropina deshidrogenasa de un hongo u oomiceto.

45 En una realización particular, la invención proporciona una molécula de ARNdc que comprende 1) una primera cadena, que comprende una secuencia sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos de un gen de hongo u oomiceto, y ii) una segunda cadena que comprende una secuencia sustancialmente complementaria con la primera cadena, en donde dicho gen de hongo u oomiceto se selecciona de una lista

consistente en.

a) un polinucleótido que comprende una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43;

5 b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44;

c) un polinucleótido que tiene una identidad de secuencia de al menos un 70 %, preferentemente de al menos un 80 %, más preferentemente de al menos 90%, todavía más preferentemente de al menos un 95 %, con un polinucleótido que tiene una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43;

10 d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una identidad de secuencia de al menos 70%, preferentemente de al menos 80%, más preferentemente de al menos 90%, todavía más preferentemente de al menos 95%, con un polipéptido que tiene una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44;

15 e) un polinucleótido que hibrida bajo condiciones rigurosas con un polinucleótido que tiene una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43;

y
f) un polinucleótido que hibrida bajo condiciones rigurosas con un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una identidad de secuencia de al menos 70% con un polipéptido que tiene una secuencia como la que se define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44.

20 De acuerdo con la presente invención, el término "identidad" debe entenderse que significa el número de aminoácidos/nucleótidos que se corresponden con los aminoácidos/nucleótidos de otra proteína u otro ácido nucleico, expresado en porcentaje. La identidad se determina, preferentemente, comparando la SEC ID descrita en el presente documento con otra proteína/ácido nucleico, con ayuda de programas informáticos. Si las secuencias que se comparan entre sí tienen longitudes diferentes, la identidad se determina de manera que el número de aminoácidos, que tienen la secuencia más corta en común con la secuencia más larga, determina el cociente del porcentaje de la identidad. Preferentemente, la identidad se determina por medio del programa informático ClustalW, que es bien conocido y está disponible para uso público (Thompson y col., 1994). ClustalW se encuentra disponible para el uso público en <http://www.ebi.ac.uk/tools/clustalW2/index.html>.

30 Preferentemente, se utiliza la Versión 2.1 del programa informático ClustalW para determinar la identidad entre proteínas según la invención y otras proteínas. Para llevar esto a cabo, deben ajustarse los parámetros siguientes: KTUPLE=1, TOPDIAG=5, WINDOW=5, PAIRGAP=3, GAPOPEN=10, GAPEXTEND=0,05, GAPDIST=8, MAXDIV=40, MATRIX=GONNET, ENDGAPS(OFF), NOGAP, NOHGAP.

35 Preferentemente, se utiliza la Versión 2.1 del programa informático ClustalW para determinar la identidad entre la secuencia de nucleótidos de las moléculas de ácido nucleico según la invención, por ejemplo, y la secuencia de nucleótidos de otras moléculas de ácidos nucleicos. Para llevar esto a cabo, deben ajustarse los parámetros siguientes:

KTUPLE=2, TOPDIAGS=4, PAIRGAP=5, DNAMATRIX:IUB, GAPOPEN=10, GAPEXT=5, MAXDIV=40, TRANSITIONS: sin ponderar.

40 De acuerdo con la presente invención, la expresión "hibridar en condiciones rigurosas" hace referencia a secuencias de polinucleótidos o ácidos nucleicos que hibridan con una secuencia de ácidos nucleicos de referencia a un nivel significativamente mayor que el ruido de fondo. El ruido de fondo puede relacionarse con la hibridación de otras secuencias de ADN presentes, en particular de otros ADNc presentes en un banco de ADNc. El nivel de la señal generada por la interacción entre la secuencia capaz de hibridar de forma selectiva y las secuencias definidas por las SEC ID anteriores según la invención es generalmente 10 veces, preferentemente 100 veces más intensa que aquella de la interacción de las otras secuencias de ADN que generan el ruido de fondo. El nivel de interacción puede medirse, por ejemplo, marcando la sonda con elementos radioactivos, tal como ³²P. La hibridación selectiva se obtiene generalmente usando condiciones del medio muy rigurosas (por ejemplo NaCl 0,03 M y citrato sódico 0,03 M a aproximadamente 50 °C-60 °C). La hibridación puede llevarse a cabo, por supuesto, según los procedimientos normales del estado de la técnica (en particular Sambrook y col., 2001, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, tercera edición)

55 En una realización particular de la invención, la molécula de ARNdc se aplica sobre el patógeno vegetal, en especial hongos u oomicetos, y/o sobre la planta o cosecha que se desea proteger. Por lo tanto, la presente invención se refiere también a una composición que comprende una cantidad efectiva y no fitotóxica de una molécula de ARNdc, según se define en el presente documento.

Las moléculas de ARNdc según la invención pueden producirse por síntesis química clásica, por medio de una transcripción *in vitro*, o se pueden producir en organismos tales como células animales, bacterias, levaduras, o plantas por expresión heteróloga (Aalto A.P. y col, 2007 *RNA*, 13(3):422-9.)

60 Por lo tanto, la presente invención se refiere a un microorganismo que produce una molécula de ARNdc según se define en el presente documento.

La presente invención se refiere también a una construcción genética que comprende al menos una secuencia de ADN, así como elemento o elementos heterólogos de regulación en las posiciones 5' y, opcionalmente, 3', caracterizada por que la secuencia de ADN es capaz de formar una molécula de ARNdc, según se define en el presente documento. La presente invención también se refiere a un vector de clonación y/o expresión, caracterizado por que contiene al menos una construcción genética según se define en el presente documento.

La expresión "cantidad eficaz y no fitotóxica" se refiere a una cantidad de composición de acuerdo con la invención que es suficiente para luchar contra, o destruir el patógeno presente o que puede aparecer en los cultivos, y que no comporta ningún síntoma apreciable de fitotoxicidad para dichos cultivos. Dicha cantidad puede variar dentro de un amplio intervalo, dependiendo del patógeno que se va a controlar, del tipo de cultivo, de las condiciones climáticas y de los compuestos incluidos en la composición según la invención. Esta cantidad se puede determinar por ensayos de campo sistemáticos, que están dentro de las capacidades de un experto en la materia.

Así, de acuerdo la presente invención, se proporciona una composición que comprende, como ingrediente activo, una cantidad efectiva de una molécula de ARNdc, como se define en el presente documento, y un soporte, vehículo, carga y/o tensioactivo aceptable desde el punto de vista agrícola.

Según la invención, el término "soporte" se refiere a un compuesto orgánico o inorgánico, natural o sintético, con el que se combina o asocia el compuesto activo de fórmula (I) para hacerlo más fácilmente aplicable, en particular a las partes de la planta. Así, este soporte es generalmente inerte y debería ser aceptable desde el punto de vista agrícola. El soporte puede ser un sólido o un líquido. Ejemplos de soportes adecuados incluyen arcillas, silicatos naturales o sintéticos, sílice, resinas, ceras, fertilizantes sólidos, agua, alcoholes, en particular butanol, disolventes orgánicos, aceites minerales y vegetales y derivados de los mismos. También se pueden utilizar mezclas de tales soportes.

La composición de acuerdo con la invención puede comprender también componentes adicionales tales como tensioactivos, coloides protectores, adhesivos, espesantes, agentes tixotrópicos, agentes de penetración, estabilizadores, agentes secuestrantes, pero sin estar limitados a ellos. Más en general, los compuestos activos se pueden combinar con cualquier aditivo sólido o líquido que se adapte a las técnicas convencionales de formulación.

En general, la composición de acuerdo con la invención puede contener del 0,05 al 99 % en peso de compuesto activo, preferentemente, del 10 al 70 % en peso.

Las composiciones de acuerdo con la invención se pueden utilizar en diversas formas, tales como: dispensador de aerosol, suspensión en cápsulas, concentrado para fumigación en frío, polvo de espolvoreo, concentrado emulsionable, emulsión de aceite en agua, emulsión de agua en aceite, granulados encapsulados, granulados finos, concentrado fluido para el tratamiento de semillas, gas (a presión), producto generador de gas, granulados, concentrado para fumigación en caliente, macrogranulados, microgranulados, polvo dispersable en aceite, concentrado fluido miscible en aceite, líquido miscible en aceite, pasta, bastoncillos vegetales, polvo para tratamiento de semillas en seco, semillas recubiertas de pesticida, concentrado soluble, polvo soluble, disolución para el tratamiento de semillas, concentrado en suspensión (concentrado fluido), líquido en volumen ultrabajo (VUB), suspensión en volumen ultrabajo (VUB), granulado o comprimidos dispersables en agua, polvo dispersable en agua para tratamiento en suspensión, granulados o comprimidos solubles en agua, polvo soluble en agua para el tratamiento de semillas y polvo humectable. Estas composiciones incluyen no sólo las composiciones que están listas para ser aplicadas a la planta o semilla que se va a tratar por medio de un dispositivo adecuado, tal como un dispositivo de atomización o de pulverización, sino también las composiciones comerciales concentradas que deben diluirse antes de la aplicación al cultivo.

Los compuestos de acuerdo con la invención pueden estar también mezclados con uno o múltiples compuestos fitofarmacéuticos o promotores del crecimiento vegetal tales como un fungicida, herbicida, insecticida, nematocida, acaricida, molusquicida, inductor de resistencia, protectores, compuestos señalizadores, sustancias biológicas, sustancia activa de feromonas u otros compuestos con actividad biológica. Las mezclas así obtenidas tienen un espectro de actividad más amplio. Las mezclas con otros compuestos fungicidas son particularmente ventajosas.

En una realización particular de la invención, el ARNdc se introduce o se produce en el interior de la planta que se desea proteger. Después de la introducción o producción dentro de la planta, el ARNdc puede someterse a procesamiento ulterior para formar fragmentos relativamente pequeños (ARNip) y, subsiguientemente, pueden distribuirse por toda la planta. De forma alternativa, el ARNdc se introduce o produce en la planta usando un elemento regulador o promotor que da como resultado la expresión del ARNdc en un tejido, de manera temporal, espacial o inducible, y adicionalmente puede ser procesado por una célula vegetal que contiene los elementos de procesamiento de ARNi para formar fragmentos relativamente pequeños.

Por lo tanto, la invención se refiere a una construcción genética o gen quimérico que es capaz de producir el ARNdc de la invención en el interior de una célula vegetal. Dicha construcción genética o gen quimérico comprende al menos una secuencia de ADN, así como elemento o elementos heterólogos de regulación en las posiciones 5' y, opcionalmente, 3', que tienen la capacidad de funcionar en una planta, caracterizado por que la secuencia o secuencias de ADN son capaces de formar una molécula de ARNdc como se define en el presente documento

cuando se expresan en la planta.

En una realización particular, la construcción genética o gen quimérico comprende:

- una secuencia reguladora promotora que es funcional en células vegetales, que está unida operativamente a
- 5 - una secuencia de ADN que, cuando se transcribe, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia con sentido y una secuencia antisentido, que son al menos parcialmente complementarias, en donde dicha secuencia con sentido comprende una secuencia sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos de un gen diana (es decir, en el contexto de la invención, un gen de sacaropina deshidrogenasa), y dicha secuencia antisentido comprende una secuencia sustancialmente complementaria con la secuencia con sentido, y
- 10 - opcionalmente, una secuencia reguladora terminadora.

En dicha realización, la secuencia de ADN según la invención puede tener más de un aspecto, en particular, dos; en el primero, comprende dos secuencias de nucleótidos, que son con sentido y antisentido, separadas por una secuencia de nucleótido espaciador o un intrón que no muestra ninguna homología con el gen diana. La secuencia clonada en la orientación con sentido y antisentido es aquella cuya expresión se intenta inhibir en el patógeno. De esta forma, la transcripción de esta secuencia de ADN proporciona un ARN de cadena sencilla y gran tamaño, correspondiente a la construcción con sentido/espaciador-intrón/antisentido. Este largo transcrito de ARN se puede detectar por RT-PCR. Puesto que las secuencias con sentido y antisentido son homólogas, se aparearán y el espaciador o intrón que las separa desempeñará la función de asa para el pliegue. Se obtiene, entonces, un ARNdc sobre la totalidad de las regiones homólogas. Subsiguientemente, el ARNdc se degrada de manera específica mediante un complejo enzimático denominado "DICER". La degradación del ARNdc forma entonces ARNip ("siRNA" en la figura), es decir, ARN de doble cadena y pequeño tamaño de entre 19 y 25 bases. Entonces, estos son los ARNip que, mediante apareamiento con los ARN transcritos, derivados del gen diana, conducirán a su degradación a través del sistema enzimático de silenciamiento del ARN.

En el segundo aspecto, la secuencia de ADN comprende dos secuencias de nucleótidos, que son con sentido y antisentido, de diferentes tamaños, en donde la estructura de asa corresponde a la parte de la secuencia de nucleótidos que no exhibe ninguna homología con la otra secuencia de nucleótidos. La secuencia de nucleótidos clonada en orientación con sentido es esencialmente homóloga con la secuencia del gen diana cuya expresión se intenta inhibir. La secuencia de nucleótidos antisentido es esencialmente homóloga con la cadena complementaria de la secuencia de dicho gen diana. De esta forma, la transcripción de esta secuencia de ADN proporciona un ARN de cadena sencilla y gran tamaño, correspondiente a la construcción con sentido/antisentido. Este largo transcrito de ARN se puede detectar por RT-PCR. Las secuencias con sentido/antisentido homólogas se aparean. Se obtiene, entonces, un ARNdc sobre la totalidad de las regiones homólogas. Subsiguientemente, el ARNdc se degrada de manera específica mediante un complejo enzimático denominado "DICER". La degradación del ARNdc forma entonces ARNip ("siRNA" en la figura), es decir, ARN de doble cadena y pequeño tamaño de entre 18 y 25 bases. Entonces, estos son los ARNip que, mediante apareamiento con los ARN diana conducirán a su degradación a través del sistema enzimático de silenciamiento del ARN de la planta.

En otra realización particular, la construcción genética comprende:

- dos secuencias reguladoras promotoras que son funcionales en las células vegetales, en las que la primera secuencia reguladora promotora está unida operativamente con una secuencia de ADN que, cuando se transcribe, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia con sentido, y la segunda secuencia reguladora promotora está unida operativamente con una secuencia de ADN que, cuando se transcribe, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia antisentido, parcialmente complementaria con la secuencia con sentido, y en donde dicha secuencia con sentido comprende una secuencia sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos del gen diana, y
- 45 - opcionalmente, secuencia o secuencias reguladoras de terminación.

En esta realización particular, la construcción genética puede estar formada como dos genes quiméricos, en la que uno de ellos comprende la primera secuencia reguladora promotora, unida operativamente a la primera secuencia de ADN que, cuando se transcribe, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia con sentido sustancialmente idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos del gen diana, y opcionalmente una secuencia reguladora de terminación, y el segundo gen quimérico comprende la segunda secuencia reguladora promotora, unida operativamente a la segunda secuencia de ADN que, cuando se transcribe, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia antisentido parcialmente complementaria con la secuencia con sentido, y opcionalmente una secuencia reguladora de terminación.

Estos dos genes quiméricos se introducen preferentemente en la célula vegetal de manera conjunta, aunque no necesariamente, con el fin de favorecer la hibridación de las dos cadenas sencillas de ARN para formar el ARNdc.

De manera alternativa, la construcción genética puede estar formada como una construcción que comprende:

- un primer promotor, unido operativamente a
- una secuencia de ADN de doble cadena, en donde una cadena, cuando se transcribe bajo el control del primer promotor, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia con sentido, sustancialmente

idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos del gen diana y, opcionalmente, una secuencia reguladora de terminación, y en donde la segunda cadena, cuando se transcribe bajo el control del segundo promotor, genera una molécula de ARN que comprende al menos una secuencia antisentido, parcialmente complementaria a la secuencia con sentido y, opcionalmente, una secuencia reguladora de terminación, y

- 5 - un segundo promotor, en dirección opuesta al primero.

La primera y segunda secuencias reguladoras promotoras pueden ser diferentes o idénticas, preferentemente diferentes.

10 La invención se refiere además a un vector de clonación y/o expresión para transformar una planta, caracterizado por que contiene al menos un gen quimérico o construcción genética según se ha definido en el presente documento.

La presente invención se refiere, además, a una célula vegetal transgénica que contiene la molécula de ARNdc de la invención y como se ha definido en el presente documento.

La presente invención se refiere, por lo tanto, a una célula vegetal transgénica que contiene la construcción genética o gen quimérico de la invención, que se ha definido en el presente documento.

15 En una realización particular de la invención, la célula vegetal transgénica es una célula vegetal de soja, oleaginosa, arroz o patata.

La presente invención se refiere, adicionalmente, a una planta, semilla transgénica, o a una parte de la misma, que comprende una célula vegetal transgénica según la invención.

20 En una realización particular de la invención, la planta o semilla transgénica, o parte de las mismas, es una planta o semilla de soja, oleaginosa, arroz o patata, o una parte de las mismas.

De acuerdo con la invención, la expresión "gen quimérico" o "casete de expresión" se entiende que significa una secuencia de nucleótidos que comprende, funcionalmente enlazadas entre sí en la dirección de transcripción, una secuencia reguladora promotora que es funcional en las plantas, una secuencia que codifica una proteína o una cadena de ARN y, opcionalmente, un terminador que es funcional en las células vegetales. La expresión "gen quimérico" o "casete de expresión" se entiende que significa, en general, un gen para el que ciertos elementos no están presentes en el gen natural, pero han sido sustituidos por elementos presentes en el gen natural o han sido añadidos.

25 De acuerdo con la invención, las expresiones "gen quimérico" o "casete de expresión" pueden corresponder también al caso en el que todos los elementos del gen están presentes en el gen natural y, alternativamente, el término "gen" puede corresponder a un gen quimérico.

30 La expresión "gen quimérico" o "casete de expresión" puede corresponder, también, al caso en el que la secuencia que codifica una proteína o una cadena de ARN no está directamente ligada a un promotor, sino que forma parte, por ejemplo, de una estructura policistrónica que comprende varias secuencias codificadoras bajo el control del mismo promotor. En ese caso, cada una de las secuencias codificadoras bajo el control del activador es designada como un "gen quimérico" o una "casete de expresión".

35 De acuerdo con la invención, la expresión "funcionalmente ligados entre sí" significa que dichos elementos del gen quimérico elemental están ligados entre sí de tal manera que su función es coordinada y permite la expresión de la secuencia codificadora. A modo de ejemplo, un activador se liga funcionalmente a una secuencia codificadora cuando es capaz de asegurar la expresión de dicha secuencia codificadora. La estructura del gen quimérico de acuerdo con la invención y el montaje de sus diversos elementos puede realizarse usando técnicas bien conocidas por los expertos en la técnica, en particular las descritas en Sambrook y col. (2001, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (tercera edición), Nolan C. ed., Nueva York: Cold Spring Harbor Laboratory Press). La elección de los elementos reguladores que constituyen el gen quimérico depende esencialmente de la planta y del tipo de célula en el que debe funcionar, y los expertos en la técnica pueden seleccionar elementos reguladores que sean funcionales en una planta determinada.

40 De acuerdo con la invención, la expresión "secuencia reguladora promotora" se entiende que significa cualquier secuencia reguladora promotora de un gen que se expresa de forma natural en plantas, en particular un promotor que se expresa especialmente en las hojas de las plantas, por ejemplo, promotores designados como constitutivos de origen bacteriano, viral o vegetal, o también promotores designados como dependientes de la luz tales como los de un gen de una pequeña subunidad de ribulosa-bis-carboxilasa/oxigenasa (RuBisCO) de la planta, o cualquier promotor conocido apropiado que se pueda utilizar. Entre los promotores de origen vegetal, se mencionarán los promotores de histona tal como se describen en la solicitud EP 0 507 698, o el promotor de actina del arroz (documento US 5.641.876). Entre los promotores de un gen vírico de plantas, se mencionará el del virus del mosaico de la coliflor (CAMV 19S o 35S), o del virus del mosaico de la vena de la cassava (CsVMV: documento WO 97/48819) o el promotor del circovirus (documento AU 689 311). También puede hacerse uso de una secuencia reguladora promotora específica para regiones o tejidos particulares de plantas y, de manera más particular, promotores específicos de semillas (Datla, R. y col., 1997, *Biotechnology Ann. Rev.*, 3, 269-296), en especial, los promotores de napina (documento EP 255 378), faseolina, glutenina, heliantinina (documento WO 92/17580),

albúmina (documento WO 98/45460) y oleosina (documento WO 98/45461). También se puede usar un promotor inducible, que se puede seleccionar convenientemente de los promotores de fenilalanina amonio liasa (PAL), de HMG-CoA reductasa (HMG), de quitinasas, de glucanasas, de inhibidores de proteinasa (PI), de genes de la familia PR1, de nopalina sintasa (nos) o del gen vspB (documento US 5.670.349), el promotor HMG2 (documento US 5.670.349), el promotor de beta-galactosidasa de manzana (ABG1) o el promotor de amino ciclopropano carboxilato sintasa de manzana (ACC sintasa) (documento WO 98/45445).

La expresión "secuencia reguladora de terminación" pretende significar cualquier secuencia que sea funcional en células vegetales o plantas, y comprende también secuencias de poliadenilación, tanto si son de origen bacteriano, por ejemplo los terminadores nos u ocs de *Agrobacterium tumefaciens*, de origen vírico, por ejemplo el terminador CaMV 35S, o de origen vegetal, por ejemplo un terminador histona tal como se describe en la solicitud EP 0 633 317.

La etapa de selección para identificar las células y/o plantas transformadas que tienen integrada la construcción de acuerdo con la invención se puede llevar a cabo en virtud de la presencia de un gen de selección presente en la construcción según la invención, o en el plásmido utilizado para la transformación de las células o de las plantas y que comprenden dicha construcción. El gen de selección puede estar en forma de un gen quimérico que comprende los elementos siguientes, unidos funcionalmente en la dirección de transcripción: una secuencia reguladora promotora, que es funcional en células vegetales, una secuencia que codifica un marcador de selección, y una secuencia reguladora de terminación que es funcional en células vegetales.

Entre los marcadores de selección que se pueden usar, cabe mencionar los marcadores que contienen genes de resistencia a los antibióticos tales como, por ejemplo, el gen de higromicina fosfotransferasa (Gritz y col., 1983, *Gene* 25: 179-188), el gen de neomicina fosfotransferasa II, que induce resistencia a la kanamicina (Wirtz y col., 1987, *DNA*, 6(3): 245-253), o el gen de aminoglucósido 3"-adeniltransferasa, pero también los marcadores que contienen genes para la tolerancia a herbicidas tales como el gen *bar* (White y col., *NAR* 18: 1062, 1990) para la tolerancia a bialafos, el gen EPSPS (documento US 5.188.642) para la tolerancia a glifosato, o el gen HPPD (documento WO 96/38567) para la tolerancia a los isoxazoles. Puede hacerse mención también a genes que codifican enzimas fácilmente identificables tales como la enzima GUS, la proteína GFP o genes que codifican pigmentos o enzimas que regulan la producción de pigmentos en las células transformadas. Dichos genes de marcador de selección se describen en particular en las solicitudes de patente WO 91/02071, WO 95/06128, WO 96/38567 y WO 97/04103.

La presente invención se refiere, además, a un procedimiento para producir una célula vegetal o una planta transgénica, capaces de expresar un ARNdc que inhibe un gen de sacaropina deshidrogenasa de hongo u oomiceto, en el que dicho procedimiento comprende las etapas de transformar una célula vegetal con un gen quimérico o una construcción genética según la invención.

Adicionalmente, el procedimiento puede comprender la etapa de seleccionar la célula vegetal que se ha transformado.

En una realización particular de la invención, la invención se refiere a un procedimiento para producir una célula vegetal o una planta transgénica, capaces de expresar un ARNdc que inhibe el gen de sacaropina deshidrogenasa de hongo u oomiceto, en la que dicho procedimiento comprende las etapas de transformar una célula vegetal con un gen quimérico o una construcción genética de acuerdo con la invención, y en la que dicha célula vegetal es una célula de una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata, o dicha planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.

La presente invención también se refiere a las plantas transformadas o a parte de las mismas y a plantas o a partes de las mismas que se obtienen por cultivo y/o cruzamiento de las plantas regeneradas antedichas, y a las semillas de las plantas transformadas.

La presente invención se refiere también a los productos finales tales como la harina, aceite o fibra que se obtienen de las plantas, partes de las mismas, o semillas de la invención.

Para obtener las células o plantas transformadas de acuerdo con la invención, los expertos en la materia pueden usar uno de los muchos procedimientos conocidos de transformación.

Uno de estos procedimientos consiste en poner las células o tejidos de los organismos hospedadores a transformar en contacto con polietilenglicol (PEG) y los vectores de la invención (Chang y Cohen, 1979, *Mol. Gen. Genet.* 168(1), 111-115; Mercenier y Chassy, 1988, *Biochimie* 70(4), 503-517). La electroporación es otro procedimiento, que consiste en someter a las células o tejidos vegetales a transformar y los vectores de la invención a un campo eléctrico (Andreason y Evans, 1988, *Biotechniques* 6(7), 650-660; Shigekawa y Dower, 1989, *Aust. J. Biotechnol.* 3(1), 56-62). Otro procedimiento consiste en inyectar directamente los vectores en las células vegetales o los tejidos vegetales por microinyección (Gordon y Ruddle, 1985, *Gene* 33(2), 121-136). Ventajosamente, puede usarse el procedimiento "biolístico". Consiste en bombardear con partículas las células o tejidos sobre los que se van a adsorber los vectores de la invención (Bruce y col., 1989, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 86(24), 9692-9696; Klein y col., 1992, *Biotechnology* 10(3), 286-291; patente de EE.UU. Núm. 4.945.050). Preferentemente, la transformación de las células o tejidos vegetales pueden llevarse a cabo usando bacterias del género *Agrobacterium*, preferentemente por infección de las células o tejidos de dichas plantas con *A. tumefaciens* (Knopf, 1979, *Subcell. Biochem.* 6, 143-173;

Shaw y col, 1983 *Gene* 198323(3): 315-330) o *A. rhizogenes* (Bevan and Chilton, 1982, *Annu. Rev. Genet.* 16: 357-384; Tepfer y Casse-Delbart, 1987, *Microbiol. Sci.* 4(1), 24-28). Preferentemente, la transformación de células o tejidos vegetales con *Agrobacterium tumefaciens* se lleva a cabo según el protocolo descrito por Hiei y col., (1994, *Plant J.* 6(2): 271-282). Los expertos en la materia elegirán el procedimiento apropiado de acuerdo con la naturaleza de los organismos hospedadores a transformar.

Las plantas de acuerdo con la invención contienen células vegetales transformadas tal como se ha definido anteriormente. De manera particular, las plantas transformadas pueden obtenerse por regeneración de las células vegetales transformadas, descritas anteriormente. La regeneración se obtiene por cualquier procedimiento apropiado, en función de la naturaleza de la especie.

La invención comprende también partes de estas plantas y los descendientes de estas plantas. La expresión "parte de estas plantas" pretende indicar cualquier órgano de estas plantas, aéreos o subterráneos. Los órganos aéreos son los tallos, las hojas y las flores que comprenden los órganos reproductores masculino y femenino. Los órganos subterráneos son principalmente las raíces, pero también pueden ser tubérculos. El término "descendientes" pretende indicar principalmente las semillas que contienen los embriones derivados de la reproducción de estas plantas entre sí. Por extensión, el término "descendiente" se aplica a todas las semillas formadas en cada nueva generación derivada de cruzamientos entre las plantas transformadas según la invención. Los descendientes y las semillas pueden obtenerse también por amplificación vegetativa de dichas plantas transformadas. Las semillas según la invención pueden ser revestidas con una composición agroquímica que comprende al menos un producto activo que tiene una actividad seleccionada de entre las actividades fungicida, herbicida, insecticida, nematocida, bactericida o virucida.

La invención se refiere, adicionalmente, a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, que comprende proporcionar a dicho patógeno una molécula de ARNdc según la invención y como se ha definido en el presente documento.

En una realización particular de la invención, el procedimiento hace referencia a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, y comprende proporcionar a dicho patógeno un ARNdc de acuerdo con la invención, tal como se define en el presente documento, o una composición que comprenda dicho ARNdc, en la que dicho patógeno vegetal es *Magnaporthe grisea*, *Phytophthora infestans*, *Sclerotinia sclerotiorum* o *Phakopsora pachyrhizi*.

En una realización particular de la invención, el procedimiento hace referencia a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, y comprende proporcionar a dicho patógeno una molécula de ARNdc según la invención y como se ha definido en el presente documento, o una composición que comprenda dicho ARNdc, en la que dicha planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.

La invención se refiere, además, a un procedimiento para controlar un patógeno de planta, cosecha o semilla, en particular un hongo o un oomiceto, caracterizado por que se aplica una cantidad agrónomicamente eficaz y sustancialmente no fitotóxica de la molécula de ARNdc según la invención, o de una composición según la invención, como tratamiento de semillas, aplicación foliar, aplicación en el tallo, aplicación por empapamiento o goteo (quimigación) a la semilla, la planta o al fruto de la planta, o al suelo o a un sustrato inerte (por ejemplo, sustratos inorgánicos tales como arena, lana de roca, lana de vidrio; minerales expandidos como perlita, vermiculita, zeolita o arcilla expandida), piedra pómez, materiales piroclásticos o toba volcánica, sustratos orgánicos sintéticos (por ejemplo, poliuretano), sustratos orgánicos (por ejemplo, turba, compost, productos arbóreos de desecho como fibra de coco, fibra de madera o astillas, tronco de árbol) o a un sustrato líquido (por ejemplo, sistemas hidropónicos flotantes, técnica de la película nutriente (NFT), aeropónicos) en el que la planta está creciendo o en el que se desea que crezca.

Por consiguiente, la invención se refiere a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, caracterizado por que se aplica una cantidad efectiva de una molécula de ARNdc según la invención, o una composición según la invención al suelo donde crece o puede crecer la planta, a las hojas y/o a los frutos de plantas, o a las semillas de las plantas.

En una realización particular de la invención, la invención se refiere a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo u oomiceto, caracterizado por que se aplica una cantidad efectiva de una molécula de ARNdc según la invención, o una composición según la invención al suelo donde crecen o pueden crecer las plantas, a las hojas y/o frutos de las plantas o a las semillas de las plantas, en donde dicho patógeno vegetal es *Magnaporthe grisea*, *Phytophthora infestans*, *Sclerotinia sclerotinium* o *Phakopsora pachyrhizi*.

En una realización particular de la invención, ésta se refiere a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo u oomiceto, caracterizado por que se aplica una cantidad efectiva de una molécula de ARNdc según la invención, o una composición según la invención al suelo donde crecen o pueden crecer las plantas, a las hojas y/o frutos de las plantas o a las semillas de las plantas, en donde dicha planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.

La expresión "se aplican a las plantas que se van a tratar" se comprende que quiere decir, para los fines de la presente invención, que la composición plaguicida que es el objeto de la invención puede aplicarse por medio de diversos procedimientos de tratamiento tales como:

- 5
- pulverización de las partes aéreas de dichas plantas con un líquido que comprende una de dichas composiciones,
 - espolvoreado, incorporación de gránulos o polvos en el suelo, pulverización, alrededor de dichas plantas, y en el caso de los árboles, inyección o embadurnado,
 - recubrimiento o recubrimiento pelicular de las semillas de dichas plantas con ayuda de una mezcla fitoprotectora que comprende una de dichas composiciones.

10 El procedimiento de acuerdo con la invención puede ser un procedimiento de curación, de prevención o de erradicación.

En este procedimiento, una composición usada puede prepararse previamente mezclando dos o más compuestos activos según la invención.

15 Según una alternativa de tal procedimiento, también es posible aplicar de forma simultánea, sucesiva o por separado los compuestos (A) y (B) de manera que se tengan los efectos (A)/(B) conjugados de las distintas composiciones que contienen cada una uno de los dos o tres principios activos (A) o (B).

La dosis del compuesto activo de ARNdc aplicada habitualmente en el procedimiento de tratamiento según la invención es en general y ventajosamente

- 20
- para tratamiento de las hojas: de 0,0001 a 10.000 g/ha, preferentemente de 0,0001 a 1.000 g/ha, más preferentemente de 0,001 a 300 g/ha; en caso de aplicación por mojado o por goteo, la dosis puede incluso reducirse, especialmente mientras se usen sustratos inertes como lana mineral o perlita;
 - para tratamiento de semillas: de 0,0001 a 200 g por 100 kilogramos de semillas, preferentemente de 0,001 a 150 g por 100 kilogramos de semillas;
 - para tratamiento del suelo: de 0,0001 a 10.000 g/ha, preferentemente de 0,001 a 5.000 g/ha.

25 Cuando se mezcla el ARNdc de la invención con otro compuesto fitofarmacéutico activo o un compuesto promotor del crecimiento vegetal, dicho compuesto fitofarmacéutico o promotor del crecimiento vegetal se utiliza en la dosis aplicada habitualmente. Dicho compuesto fitofarmacéutico o promotor del crecimiento vegetal puede ser un fungicida, herbicida, insecticida, nematocida, acaricida, molusquicida, inductor de resistencia, protectores, o compuestos señalizadores. La dosis de compuesto fitofarmacéutico activo aplicada normalmente en el

30 procedimiento de tratamiento de acuerdo con la invención está general y ventajosamente entre 10 y 800 g/ha, preferentemente, entre 50 y 300 g/ha para aplicaciones en el tratamiento de las hojas. La dosis de sustancia activa aplicada está general y ventajosamente entre 2 y 200 g por 100 kg de semillas, preferentemente entre 3 y 150 g por 100 kg de semillas en el caso del tratamiento de semillas.

35 Las dosis indicadas en la presente invención se proporcionan como Ejemplos ilustrativos del procedimiento según la invención. Un experto en la materia sabrá cómo adaptar la dosis de aplicación, en particular según la naturaleza de la planta o del cultivo a tratar. En condiciones específicas, por ejemplo según la naturaleza del patógeno, hongo fitopatógeno u oomiceto que se debe tratar o controlar, una dosis menor puede ofrecer una protección adecuada. Ciertas condiciones climáticas, resistencia u otros factores como la naturaleza del patógeno o el grado de infestación, por ejemplo, de las plantas con estos patógenos, pueden requerir dosis mayores de ingredientes activos

40 combinados. La dosis óptima depende habitualmente de varios factores, por ejemplo, del tipo de patógeno que se ha de tratar, del tipo o nivel de desarrollo de la planta o material de la planta infestado, de la densidad de vegetación o, alternativamente, del procedimiento de aplicación.

Sin que sea una limitación, el cultivo tratado con la composición o combinación plaguicida según la invención es, por ejemplo, la vid, cereales, verduras, alfalfa, soja, cultivos hortícolas, césped, madera, plantas arbóreas u hortícolas.

45 El procedimiento de tratamiento según la invención puede servir también para tratar material de propagación tal como tubérculos o rizomas, así como semillas, plántulas o siembras de plántulas y plantas o siembras de plantas. Este procedimiento de tratamiento también puede ser útil para tratar raíces. El procedimiento de tratamiento según la invención puede ser útil también para tratar las partes aéreas de la planta tales como troncos, tallos, hojas, flores y frutos de la planta de referencia y, en general, cualquier material susceptible de sufrir una infección por hongos

50 (por ejemplo, debido al almacenamiento, como en el caso del heno).

La invención se refiere adicionalmente a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, que comprende proporcionar a la planta hospedadora de dicho patógeno vegetal una célula vegetal transformada según la invención.

55 La invención se refiere adicionalmente a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, que comprende proporcionar a la planta hospedadora de dicho patógeno vegetal una célula vegetal transformada que contiene un ARNdc según se ha definido en el presente documento.

La invención se refiere adicionalmente a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, que comprende transformar la planta con una construcción genética según la invención.

Adicionalmente, la invención se refiere a un procedimiento para controlar un patógeno vegetal, en particular un hongo o un oomiceto, que comprende las etapas siguientes:

- i) transformar una célula vegetal con un gen quimérico según la invención;
- ii) situar las células transformadas de este modo bajo condiciones que permitan la transcripción de dicha construcción,
- iii) hacer que las células entren en contacto con el patógeno.

En una realización particular de la invención, los procedimientos según la invención controlan un patógeno vegetal seleccionado de *Magnaporthe grisea*, *Phytophthora infestans*, *Sclerotinia sclerotinium* o *Phakopsora pachyrhizi*.

En una realización particular de la invención, los procedimientos según la invención controlan un patógeno vegetal, en donde la planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.

La invención se refiere, adicionalmente, a un procedimiento para inhibir la expresión del gen de sacaropina deshidrogenasa de un patógeno vegetal, en particular un hongo u oomiceto, que comprende las etapas siguientes:

- i) transformar una célula vegetal con un gen quimérico según la invención;
- ii) situar las células transformadas de este modo en condiciones que permitan la transcripción de dicha construcción,
- iii) hacer que las células entren en contacto con el patógeno.

En una realización particular de la invención, el procedimiento según la invención consiste en inhibir un gen de sacaropina deshidrogenasa de hongo u oomiceto, en la que el hongo u oomiceto es *Magnaporthe grisea*, *Phytophthora infestans*, *Sclerotinia sclerotinium* o *Phakopsora pachyrhizi*.

En una realización particular de la invención, el procedimiento según la invención inhibe un gen de sacaropina deshidrogenasa de hongo u oomiceto, en la que dicho procedimiento comprende las etapas siguientes:

- i) transformar una célula vegetal con un gen quimérico según la invención;
- ii) situar las células transformadas de este modo en condiciones que permitan la transcripción de dicha construcción,
- iii) hacer que las células entren en contacto con el patógeno;

en la que la planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.

Según la invención, se pueden tratar todas las plantas y las partes de las plantas. Por plantas se entiende todas las plantas y poblaciones de plantas tales como plantas salvajes deseadas o no deseadas, plantas cultivadas y variedades de plantas (se puedan o no proteger por los derechos de variedades de plantas o del cultivador de plantas). Las plantas cultivadas y las variedades de plantas pueden ser plantas obtenidas por propagación convencional y procedimientos de cultivo que pueden ayudarse o estar complementados por uno o más procedimientos biotecnológicos, tales como el uso de haploides dobles, fusión de protoplastos, mutagénesis aleatoria y dirigida, marcadores moleculares o genéticos o por procedimientos de bioingeniería e ingeniería genética. Por partes de las plantas se entiende todas las partes y órganos de las plantas por encima del suelo y por debajo del suelo, tales como brotes, hojas, flores y raíces, de modo que también están listados por ejemplo, las hojas, agujas, tallos, ramas, flores, esporóforos, frutos y semillas, así como raíces, bulbos y rizomas. Los cultivos y el material de propagación vegetativo y generativo, por ejemplo, esquejes, bulbos, rizomas, trepadoras y semillas, también pertenecen a las partes de las plantas.

Entre las plantas que se pueden proteger por el procedimiento según la invención, se pueden mencionar los cultivos extensivos principales como el maíz, soja, algodón, semillas oleaginosas de *Brassica* tal como *Brassica napus* (p. ej. canola), *Brassica rapa*, *B. juncea* (por ejemplo, mostaza) y *Brassica carinata*, arroz, trigo, remolacha azucarera, caña de azúcar, avena, centeno, cebada, mijo, triticale, lino, vid y diferentes frutas y verduras de diferentes taxones botánicos tales como *Rosaceae* sp. (por ejemplo, frutas de pepitas tales como manzanas y peras, pero también frutas con hueso tales como albaricoques, cerezas, almendras y melocotones, bayas tales como fresas), *Ribesioideae* sp., *Juglandaceae* sp., *Betulaceae* sp., *Anacardiaceae* sp., *Fagaceae* sp., *Moraceae* sp., *Oleaceae* sp., *Actinidaceae* sp., *Lauraceae* sp., *Musaceae* sp. (por ejemplo, bananeros y plantaciones de bananas), *Rubiaceae* sp. (por ejemplo, café), *Theaceae* sp., *Sterculiaceae* sp., *Rutaceae* sp. (por ejemplo, limones, naranjas y pomelos); *Solanaceae* sp. (por ejemplo, tomates, patatas, pimientos, berenjenas), *Liliaceae* sp., *Compositiae* sp. (por ejemplo, lechuga, alcachofa y achicoria - incluyendo escarola, endivia o achicoria común), *Umbelliferae* sp. (por ejemplo, zanahoria, perejil, apio y bulbo de apio), *Cucurbitaceae* sp. (por ejemplo, pepino - incluyendo pepinillo, chayote, sandía, calabazas y melones), *Alliaceae* sp. (por ejemplo, cebollas y puerros), *Cruciferae* sp. (por ejemplo, repollo, lombarda, brócoli, coliflor, coles de bruselas, pak choi, colirrábano, rábano, rábano picante, berro, col china), *Leguminosae* sp. (por ejemplo, cacahuètes, guisantes y judías - tales como judías trepadoras y habas), *Chenopodiaceae* sp. (por ejemplo, acelga, espinaca remolacha, espinaca, remolacha), *Malvaceae* (por ejemplo, quimbombo), *Asparagaceae* (por ejemplo, espárrago); cultivos hortícolas y arbóreos; plantas ornamentales; así como los homólogos genéticamente modificados de estos cultivos.

El procedimiento de tratamiento de acuerdo con la invención puede utilizarse en el tratamiento de organismos modificados genéticamente (OMG), por ejemplo, plantas o semillas. Las plantas modificadas genéticamente (o plantas transgénicas) son plantas en las que se ha integrado de manera estable un gen heterólogo en el genoma. La expresión "gen heterólogo" significa esencialmente un gen que se proporciona o construye fuera de la planta y que cuando se introduce en el genoma nuclear, cloroplástico o mitocondrial, proporciona a la planta transformada nuevas o mejoradas propiedades agronómicas u otras propiedades mediante la expresión de una proteína o polipéptido de interés, o disminuyendo o silenciando otro gen o genes que están presentes en la planta (usando, por ejemplo, tecnología antisentido, tecnología de co-supresión o tecnología de interferencia de ARN - ARNi). Un gen heterólogo que está localizado en el genoma también se denomina un transgén. Un transgén que está definido por su particular localización en el genoma de la planta se denomina un evento de transformación o transgénico.

Dependiendo de la especie vegetal o de la variedad de la planta cultivada, su localización y sus condiciones de crecimiento (suelos, clima, periodo de vegetación, dieta), el tratamiento de acuerdo con la invención también puede producir efectos superaditivos ("sinérgicos"). Así, por ejemplo, son posibles relaciones de aplicación reducidas y/o una ampliación del espectro de actividad y/o un incremento de la actividad de los compuestos y composiciones activos que pueden utilizarse según la invención, mejor crecimiento de la planta, tolerancia aumentada a temperaturas altas o bajas, tolerancia aumentada a la sequía o al agua o al contenido en sal del suelo, floración aumentada, recolección más fácil, maduración acelerada, rendimientos de cosecha mayores, frutos más grandes, mayor altura de la planta, color de la hoja más verde, floración temprana, mayor calidad y/o valor nutricional más alto de los productos cosechados, mayor concentración de azúcar en los frutos, mejor estabilidad en el almacenamiento y/o procesabilidad de los productos cosechados, lo que supera los efectos que eran de esperar.

Con determinadas relaciones de aplicación, las combinaciones del compuesto activo de acuerdo con la invención también pueden tener un efecto reforzador en las plantas. Por consiguiente, también pueden ser adecuadas para movilizar el sistema de defensas de la planta frente al ataque de microorganismos indeseados. Esta puede ser, si resulta apropiado, una de las razones de la actividad aumentada de las combinaciones según la invención, por ejemplo, frente a hongos. Las sustancias fortificantes de plantas (que inducen resistencia) se entiende que, en el presente contexto, son aquellas sustancias o combinaciones de sustancias que son capaces de estimular el sistema de defensas de dichas plantas de forma que cuando, posteriormente, se inoculan microorganismos no deseados, las plantas tratadas presentan un grado de resistencia sustancial a esos microorganismos. En el presente caso, los microorganismos no deseados se entiende que son hongos fitopatógenos, bacterias y virus. Así, las sustancias de acuerdo con la invención pueden emplearse para proteger a las plantas frente al ataque de los patógenos mencionados anteriormente en un periodo de tiempo determinado después del tratamiento. El periodo de tiempo en el que se produce la protección se extiende generalmente de 1 a 10 días, preferentemente de 1 a 7 días, después del tratamiento de las plantas con los compuestos activos.

Como se ha mencionado ya anteriormente, es posible tratar todas las plantas y sus partes según la invención. En una realización preferida, se tratan las especies salvajes de plantas y las variedades de plantas cultivadas, o aquellas obtenidas mediante procedimientos de reproducción biológica convencionales, tales como cruce o fusión de protoplastos, y también sus partes. En una realización adicional preferida, se tratan las plantas transgénicas y las variedades de plantas obtenidas por procedimientos de ingeniería genética, si es apropiado en combinación con procedimientos convencionales (organismos genéticamente modificados) y sus partes. Los términos "partes", "partes de plantas" y "partes de planta" se han explicado anteriormente. De manera más preferida, las plantas de los cultivos de plantas que están en cada caso disponibles en el comercio o que se usan, se tratan según la invención. Debe entenderse que la expresión "cultivos de plantas" significa plantas que tienen propiedades nuevas ("rasgos") y que se han obtenido por reproducción convencional, por mutagénesis o por técnicas de ADN recombinante. Pueden ser plantas cultivadas, variedades, bio- o genotipos.

El procedimiento de tratamiento de acuerdo con la invención puede utilizarse en el tratamiento de organismos modificados genéticamente (OMG), por ejemplo, plantas o semillas. Las plantas modificadas genéticamente (o plantas transgénicas) son plantas en las que se ha integrado de manera estable un gen heterólogo en el genoma. La expresión "gen heterólogo" significa esencialmente un gen que se proporciona o construye fuera de la planta y que cuando se introduce en el genoma nuclear, cloroplástico o mitocondrial, proporciona a la planta transformada nuevas o mejoradas propiedades agronómicas u otras propiedades mediante la expresión de una proteína o polipéptido de interés o disminuyendo o silenciando otro gen o genes que están presentes en la planta (usando, por ejemplo, tecnología antisentido, tecnología de co-supresión, tecnología de interferencia de ARN - tecnología ARNi - o tecnología micro ARN - miARN). Un gen heterólogo que está localizado en el genoma también se denomina un transgén. Un transgén que está definido por su particular localización en el genoma de la planta se denomina un evento de transformación o transgénico.

Dependiendo de la especie de planta o de la variedad de la planta cultivada, su localización y sus condiciones de crecimiento (suelos, clima, periodo de vegetación, dieta), el tratamiento de acuerdo con la invención también puede producir efectos superaditivos ("sinérgicos"). Así, por ejemplo, son posibles relaciones de aplicación reducidas y/o una ampliación del espectro de actividad y/o un incremento de la actividad de los compuestos y composiciones activos que pueden utilizarse según la invención, mejor crecimiento de la planta, tolerancia aumentada a temperaturas altas o bajas, tolerancia aumentada a la sequía o al agua o al contenido en sal del suelo, floración aumentada, recolección más fácil, maduración acelerada, rendimientos de cosecha mayores, frutos más grandes, mayor altura de la planta, color de la hoja más verde, floración más temprana, mayor calidad y/o valor nutricional

más alto de los productos cosechados, mayor concentración de azúcar en los frutos, mejor estabilidad en el almacenamiento y/o procesabilidad de los productos cosechados, lo que supera los efectos que eran de esperar.

Con determinadas relaciones de aplicación, las combinaciones del compuesto activo de acuerdo con la invención también pueden tener un efecto reforzador en las plantas. Por consiguiente, también pueden ser adecuadas para movilizar el sistema de defensas de la planta frente al ataque de microorganismos indeseados. Esta puede ser, si resulta apropiado, una de las razones de la actividad aumentada de las combinaciones de acuerdo con la invención, por ejemplo, frente a hongos. Las sustancias fortificantes de plantas (que inducen resistencia) se entiende que, en el presente contexto, son aquellas sustancias o combinaciones de sustancias que son capaces de estimular el sistema de defensas de dichas plantas de forma que cuando posteriormente se inoculan microorganismos no deseados, las plantas tratadas presentan un grado de resistencia sustancial a esos microorganismos. En el presente caso, los microorganismos no deseados se entiende que son hongos, bacterias y virus fitopatógenos. Así, las sustancias de acuerdo con la invención pueden emplearse para proteger a las plantas frente al ataque de los patógenos mencionados anteriormente en un periodo de tiempo determinado después del tratamiento. El periodo de tiempo en el que se produce la protección se extiende generalmente de 1 a 10 días, preferentemente de 1 a 7 días, después del tratamiento de las plantas con los compuestos activos.

Las plantas y las variedades de plantas cultivadas que se tratan preferentemente de acuerdo con la invención incluyen todas las plantas que tienen material genético que proporciona características útiles particularmente ventajosas a estas plantas (ya sean obtenidas por reproducción y/o por medios biotecnológicos).

Las plantas y las variedades de plantas cultivadas que preferentemente también se tratan de acuerdo con la invención son resistentes frente a uno o más estreses bióticos, es decir, dichas plantas muestran una mejor defensa frente a plagas animales y microbianas, tales como frente a nematodos, insectos, ácaros, hongos, bacterias virus y/o viroides fitopatógenos.

Las plantas y las variedades de plantas cultivadas que también pueden tratarse de acuerdo con la invención son aquellas plantas que son resistentes a uno o más estreses abióticos. Las condiciones de estrés abiótico pueden incluir, por ejemplo, sequía, exposición a bajas temperaturas, exposición al calor, estrés osmótico, inundación, aumento de la salinidad del suelo, de la exposición a minerales, exposición a ozono, exposición a mucha luz, disponibilidad limitada de nutrientes nitrogenados, disponibilidad limitada de nutrientes de fósforo, falta de sombra.

Las plantas y las variedades de plantas cultivadas que también pueden tratarse de acuerdo con la invención, son aquellas plantas que se distinguen por unas características de rendimiento aumentadas. El rendimiento incrementado en dichas plantas puede ser el resultado, por ejemplo, de una mejora de la fisiología, crecimiento y desarrollo de la planta, tal como eficacia en el uso del agua, eficacia en la retención del agua, utilización mejorada del nitrógeno, asimilación aumentada del carbono, fotosíntesis mejorada, eficacia aumentada de la germinación y maduración acelerada. El rendimiento puede verse afectado además por una arquitectura mejorada de la planta (en condiciones de estrés y sin estrés), incluyendo, pero sin limitarse a floración temprana, control de la floración para la producción de semillas híbridas, vigor de la siembra, tamaño de la planta, número y distancia de los entrenudos, crecimiento de la raíz, tamaño de la semilla, tamaño del fruto, tamaño de la vaina, número de vainas o espigas, número de semillas por vaina o espiga, masa de semillas, relleno incrementado de las semillas, dispersión reducida de las semillas, dehiscencia reducida de la vaina y resistencia a la caída. Las características de rendimiento adicionales incluyen composición de las semillas, tales como contenido en carbohidratos, contenido en proteínas, contenido en aceite y composición del aceite, valor nutricional, reducción de compuestos anti-nutricionales, procesabilidad mejorada y mejor estabilidad en el almacenamiento.

Las plantas que pueden tratarse según la invención son plantas híbridas que ya expresan la característica de heterosis o vigor híbrido que generalmente da como resultado un mayor rendimiento, vigor, salud y resistencia frente al estrés biótico y abiótico. Dichas plantas se obtienen típicamente cruzando una línea parental macho estéril endogámica (la hembra parental) con otra línea parental macho fértil endogámica (el macho parental). La semilla híbrida se cosecha típicamente a partir de las plantas macho estériles y se vende a los cultivadores. Las plantas macho estériles pueden producirse a veces (por ejemplo, en el maíz) por castración, es decir, por la eliminación mecánica de los órganos reproductores masculinos (o flores macho) pero, típicamente, la esterilidad de los machos es el resultado de determinantes genéticos en el genoma de la planta. En este caso, y especialmente cuando la semilla es el producto deseado para cosecharse de las plantas híbridas es típicamente útil asegurarse de que se ha restaurado completamente la fertilidad de los machos en las plantas híbridas. Esto puede conseguirse asegurando que los machos parentales tienen los genes de restauración de la fertilidad apropiados que son capaces de restaurar la fertilidad de los machos en las plantas híbridas que contienen los determinantes genéticos responsables de la esterilidad de los machos. Los determinantes genéticos para la esterilidad de los machos pueden estar localizados en el citoplasma. Los ejemplos de esterilidad citoplásmica de los machos (CMS) se describieron, por ejemplo, en especies de *Brassica* (documentos WO 92/05251, WO 95/09910, WO 98/27806, WO 05/002324, WO 06/021972 y US 6.229.072). Sin embargo, los determinantes genéticos para la esterilidad de los machos también pueden estar localizados en el genoma nuclear. Las plantas machos estériles también pueden obtenerse mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética. Un medio particularmente útil para obtener plantas machos estériles se describe en el documento WO 89/10396 en el que, por ejemplo, una ribonucleasa tal como barnasa se expresa selectivamente en las células del tapetum en los estambres. La fertilidad puede restaurarse

entonces mediante la expresión en las células del tapetum de un inhibidor de ribonucleasa tal como barstar (por ejemplo, documento WO 91/02069).

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (obtenidas mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que pueden tratarse de acuerdo con la invención son plantas tolerantes a los herbicidas, es decir, plantas que se han hecho tolerantes a uno o más herbicidas dados. Dichas plantas pueden obtenerse mediante transformación genética, o mediante selección de plantas que contienen una mutación que proporciona dicha tolerancia a herbicidas.

Las plantas resistentes a herbicidas son, por ejemplo, plantas tolerantes a glifosato, es decir, plantas que se han hecho tolerantes al herbicida glifosato o a las sales del mismo. Las plantas pueden hacerse tolerantes a glifosato mediante diferentes medios. Por ejemplo, las plantas tolerantes a glifosato pueden obtenerse mediante la transformación de la planta con un gen que codifica la enzima 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS). Los ejemplos de dichos genes de EPSPS son el gen AroA (mutante CT7) de la bacteria *Salmonella typhimurium* (Comai y col., *Science* 1983, 221, 370-371), el gen CP4 de la bacteria *Agrobacterium sp.* (Barry y col., *Curr. Topics Plant Physiol.* 1992, 7, 139-145), los genes que codifican una EPSPS de petunia (Shah y col., *Science* 1986, 233, 478-481), una EPSPS de tomate (Gasser y col., *J. Biol. Chem.* 1988, 263, 4280-4289), o una EPSPS de eleusina (documento WO 2001/66704). También puede ser una EPSPS mutada como se describe, por ejemplo, en los documentos EP 0837944, WO 00/66746, WO 00/66747 o WO 02/26995. Las plantas tolerantes a glifosato también pueden obtenerse mediante la expresión de un gen que codifica una enzima glifosato óxido-reductasa como se describe en los documentos US 5.776.760 y US 5.463.175. Las plantas tolerantes a glifosato también pueden obtenerse mediante la expresión de un gen que codifica una enzima glifosato acetil transferasa como se describe, por ejemplo, en los documentos WO 02/036782, WO 03/092360, WO 2005/012515 y WO 2007/024782. Las plantas tolerantes a glifosato también pueden obtenerse mediante la selección de plantas que contienen mutaciones naturales de los genes mencionados anteriormente, como se describe, por ejemplo, en los documentos WO 01/024615 o WO 03/013226.

Otras plantas resistentes a herbicidas son, por ejemplo, las plantas que se hacen tolerantes a herbicidas mediante la inhibición de la enzima glutamina sintasa, tal como bialafos, fosfotricina o glufosinato. Tales plantas se pueden obtener mediante expresión de una enzima que detoxifica el herbicida o una enzima glutamina sintasa mutante que es resistente a la inhibición, descrita por ejemplo en la solicitud de patente de EE.UU. N.º 11/760.602. Una de dichas enzimas detoxificantes eficaces es una enzima que codifica una fosfotricin acetiltransferasa (tal como la proteína bar o pat de especies de *Streptomyces*). Se describen plantas que expresan un fosfotricin acetiltransferasa, por ejemplo, en las patentes de EE.UU. n.º 5.561.236; 5.648.477; 5.646.024; 5.273.894; 5.637.489; 5.276.268; 5.739.082; 5.908.810 y 7.112.665.

Las plantas tolerantes a herbicidas adicionales también son plantas que se hacen tolerantes a los herbicidas mediante la inhibición de la enzima hidroxifenilpiruvato-dioxigenasa (HPPD). Las hidroxifenilpiruvato-dioxigenasas (HPPD) son enzimas que catalizan la reacción en la que el para-hidroxifenilpiruvato (HPP) se transforma en homogentisato. Las plantas tolerantes a los inhibidores de HPPD se pueden transformar con un gen que codifica una enzima HPPD resistente natural, o un gen que codifica una enzima mutada o quimérica como se describe en los documentos de patente WO 96/38567, WO 99/24585, WO 99/24586, WO 09/144079, WO 02/046387, o US 6,768,044. La tolerancia a inhibidores de HPPD también puede obtenerse mediante la transformación de plantas con genes que codifican determinadas enzimas que permiten la formación de homogentisato a pesar de la inhibición de la enzima HPPD nativa por el inhibidor de HPPD. Dichas plantas y genes se describen en los documentos WO 99/34008 y WO 02/36787. La tolerancia de las plantas a los inhibidores de HPPD también se puede mejorar transformando las plantas con un gen que codifica una enzima que tiene actividad prefenato deshidrogenasa (PDH) además de un gen que codifica una enzima tolerante a HPPD, como se describe en el documento de patente WO 04/024928. Además, las plantas se pueden hacer más tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD mediante adición a su genoma de un gen que codifica una enzima capaz de metabolizar o degradar inhibidores de HPPD, tales como las enzimas CYP450 mostradas en los documentos de patente WO 2007/103567 y WO 2008/150473.

Aún más, las plantas tolerantes a herbicidas son plantas que se hacen tolerantes a inhibidores de la acetolactato sintasa (ALS). Los inhibidores de ALS conocidos incluyen, por ejemplo, los herbicidas de tipo sulfonilurea, imidazolinona, triazolopirimidinas, pirimidiniloxi(tio)benzoatos, y/o sulfonilaminocarbonilimidazolinona. Se sabe que diferentes mutaciones en la enzima ALS (también conocida como acetohidroxiácido sintasa, AHAS) confieren tolerancia a diferentes herbicidas y grupos de herbicidas, como se describe, por ejemplo, en Tranel y Wright, (*Weed Science* 2002, 50: 700-712), y también en las patentes estadounidenses Núm. 5.605.011, 5.378.824, 5.141.870, y 5.013.659. La producción de plantas tolerantes a la sulfonilurea y de plantas tolerantes a la imidazolinona se describe en las patentes de EE.UU. n.º 5.605.011; 5.013.659; 5.141.870; 5.767.361; 5.731.180; 5.304.732; 4.761.373; 5.331.107; 5.928.937; y 5.378.824; y WO 96 /33270. Se describen también otras plantas tolerantes a la imidazolinona, por ejemplo, en los documentos WO 2004/040012, WO 2004/106529, WO 2005/020673, WO 2005/093093, WO 2006/007373, WO 2006/015376, WO 2006/024351 y WO 2006/060634. Otras plantas tolerantes a sulfonilurea e imidazolinona se describen también, por ejemplo, en el documento WO 2007/024782 y la solicitud de patente de EE.UU. 61/288958.

Otras plantas tolerantes a imidazolinona y/o sulfonilurea pueden obtenerse mediante mutagénesis inducida, selección en cultivos celulares en presencia del herbicida, o selección por mutación como se describe, por ejemplo para sojas en el documento US 5.084.082, para arroz en el documento WO 97/41218, para remolacha en los documentos US 5.773.702 y WO 99/057965, para lechuga en el documento US 5.198.599, o para girasol en el documento WO 01/065922.

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (obtenidas mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse de acuerdo con la invención son plantas transgénicas resistentes a insectos, es decir, plantas que se han hecho resistentes al ataque de determinados insectos diana. Dichas plantas pueden obtenerse mediante transformación genética, o mediante selección de plantas que contienen una mutación que proporciona dicha resistencia a insectos.

Una "planta transgénica resistente a insectos", tal y como se utiliza en la presente memoria, incluye cualquier planta que contenga al menos un transgén que comprende una secuencia codificadora que codifica:

1) una proteína cristalina insecticida de *Bacillus thuringiensis* o una parte insecticida de la misma, tal como las proteínas cristalinas insecticidas listadas por Crickmore y col. (1998, *Microbiology y Molecular Biology Reviews*, 62: 807-813), (actualizado por Crickmore y col. (2005) en la nomenclatura de toxinas *Bacillus thuringiensis*, en internet en: http://www.lifesci.sussex.ac.uk/Home/Neil_Crickmore/Bt/), o sus partes insecticidas, por ejemplo, proteínas de las clases de proteínas Cry, Cry1Ab, Cry1Ac, Cry1B, Cry1C, Cry1D, Cry1F, Cry2Ab, Cry3Aa, o Cry3Bb o sus partes insecticidas (por ejemplo, documentos de patente EP-A 1 999 141 y WO 2007/107302), o tales proteínas codificadas por genes sintéticos como, por ejemplo, las descritas en la solicitud de patente de EE.UU. 12/249.016; o

2) una proteína cristal de *Bacillus thuringiensis* o una parte de ésta que es insecticida en presencia de una segunda proteína cristal de *Bacillus thuringiensis* o una parte de ésta, tal como la toxina binaria constituida por las proteínas cristal Cry34 y Cry35 (Moellenbeck y col. , *Nat. Biotechnol.* 2001, 19668-72: Schnepf y col. 2006, *Applied Environm. Microbiol.* 71, 1765-1774) o la toxina binaria compuesta por las proteínas Cry1A o Cry1F y las proteínas Cry2Aa o Cry2Ab o Cry2Ae (solicitud de patente estadounidense núm. 12/214.022 y documento EP -A 2.300.618); o

3) una proteína híbrida insecticida que comprende partes de diferentes proteínas cristalinas insecticidas de *Bacillus thuringiensis*, tal como un híbrido de las proteínas de 1) anterior o un híbrido de las proteínas de 2) anterior, por ejemplo, la proteína Cry1A.105, producida por el maíz transgénico MON98034 (documento WO 2007/027777); o

4) una proteína de uno cualquiera de 1) a 3) anteriores en la que algunos aminoácidos, particularmente de 1 a 10, se han sustituido por otro aminoácido para obtener una mayor actividad insecticida frente a especies de insecto diana, y/o para expandir la gama de especies de insectos diana afectadas, y/o debido a los cambios introducidos en el ADN codificador durante la clonación o transformación, tal como la proteína Cry3Bb1 en los maíces transgénicos MON863 o MON88017, o la proteína Cry3A en el maíz transgénico MIR604; o

5) una proteína insecticida secretada de *Bacillus thuringiensis* o *Bacillus cereus*, o una parte insecticida de ésta, tal como las proteínas vegetativas insecticidas (VIP) listadas en: http://www.lifesci.sussex.ac.uk/home/Neil_Crickmore/Bt/vip.html, por ejemplo, proteínas de la clase de proteínas VIP3Aa; o

6) una proteína secretada de *Bacillus thuringiensis* o *Bacillus cereus* que es insecticida en presencia de una segunda proteína secretada de *Bacillus thuringiensis* o *B. cereus*, tal como la toxina binaria constituida por las proteínas VIP1A y VIP2A (documento WO 94/21795); o

7) una proteína insecticida híbrida que comprende partes de diferentes proteínas secretadas de *Bacillus thuringiensis* o *Bacillus cereus*, tal como un híbrido de las proteínas de 1) anterior o un híbrido de las proteínas de 2) anterior; o

8) una proteína de uno cualquiera de 5) a 7) anteriores en la que algunos aminoácidos, particularmente de 1 a 10, se han sustituido por otros aminoácidos para obtener una mayor actividad insecticida frente a especies de insecto diana, y/o para expandir la variedad de especies de insectos diana afectadas, y/o debido a los cambios introducidos en el ADN codificador durante la clonación o transformación (aunque todavía codifica una proteína insecticida), tal como la proteína VIP3Aa en el algodón transgénico COT102; o

9) una proteína secretada de *Bacillus thuringiensis* o *Bacillus cereus* que es insecticida en presencia de una proteína cristalina de *Bacillus thuringiensis*, tal como la toxina binaria constituida por VIP3 y Cry1A o Cry1F o la toxina binaria constituida por la proteína VIP3 y las proteínas Cry2Aa o Cry2Ab o Cry2Ae (EP-A 2 300 618).

10) una proteína de 9) anterior en la que algunos aminoácidos, en particular de 1 a 10, se han sustituido por otros aminoácidos para obtener una mayor actividad insecticida frente a una especie de insecto diana, y/o para expandir la gama de especies de insecto diana afectadas, y/o debido a los cambios introducidos en el ADN

codificador durante la clonación o transformación (aunque todavía codifica una proteína insecticida)

Por supuesto, una planta transgénica resistente a insectos, tal y como se utiliza en la presente memoria, también incluye cualquier planta que comprende una combinación de los genes que codifican las proteínas de una cualquiera de las clases anteriores 1 a 10. En una realización, una planta resistente a insectos contiene más de un transgén que codifica una proteína de una cualquiera de las clases anteriores 1 a 10, para expandir la variedad de especies de insectos diana afectadas cuando se utilizan diferentes proteínas dirigidas a diferentes especies de insectos diana, o para retrasar el desarrollo de la resistencia a insectos en las plantas usando diferentes proteínas insecticidas para las mismas especies de insectos diana, pero que tienen un modo de acción diferente, tal como la fijación a diferentes sitios de unión del receptor en el insecto.

Una "planta transgénica resistente a insectos", como se usa en la presente memoria, incluye además cualquier planta que contiene al menos un transgén que comprende una secuencia que tras expresión produce un ARN bicatenario que, tras ingestión por una plaga de insectos de plantas, inhibe el crecimiento de esta plaga de insectos, como se describe, por ejemplo, en los documentos de patente WO 2007/080126, WO 2006/129204, WO 2007/074405, WO 2007/080127 y WO 2007/035650.

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (obtenidas mediante procedimientos de biotecnología de plantas tal como ingeniería genética) que también pueden tratarse según la invención son tolerantes a estreses abióticos. Dichas plantas pueden obtenerse mediante transformación genética, o mediante selección de plantas que contienen una mutación que proporciona dicha resistencia al estrés. Las plantas tolerantes al estrés particularmente útiles incluyen:

1) plantas que contienen un transgén capaz de reducir la expresión y/o la actividad del gen de la poli(ADP-ribosa) polimerasa (PARP) en las células de la planta o plantas, como se describe en los documentos WO 00/04173, WO/2006045633/, EP-A 1 807 519 o EP-A 2 018 431.

2) plantas que contienen un transgén que potencia la tolerancia al estrés, capaz de reducir la expresión y/o la actividad de los genes que codifican PARP de las plantas o de las células de las plantas, como se describe, por ejemplo, en el documento WO 2004/090140.

3) plantas que contienen un transgén que incrementa la tolerancia al estrés que codifica una enzima funcional de la planta de la vía de síntesis del dinucleótido de nicotinamida y adenina incluyendo nicotinamidasas, nicotinato fosforribosiltransferasa, ácido nicotínico mononucleótido adeniltransferasa, dinucleótido de nicotinamida y adenina sintetasa o nicotina amida fosforribosiltransferasa como se describe, por ejemplo, en los documentos EP-A 1.794.306, WO 2006/133827, WO 2007/107326, EP-A 1.999.263 o WO 2007/107326.

Las plantas o variedades de plantas cultivadas (obtenidas mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse de acuerdo con la invención, muestran una cantidad, calidad y/o estabilidad al almacenamiento alteradas del producto cosechado y/o propiedades alteradas de los ingredientes específicos del producto cosechado tales como:

1) plantas transgénicas que sintetizan un almidón modificado, que presenta cambios en sus características fisicoquímicas, en particular en el contenido en amilosa o en la relación amilosa/amilopectina, el grado de ramificación, la longitud media de la cadena, la distribución de la cadena lateral, el comportamiento viscoso, la fuerza de gelificación, el tamaño del grano del almidón y/o la morfología del grano del almidón, en comparación con el almidón sintetizado en células de plantas o plantas de tipo silvestre, de manera que es más adecuado para aplicaciones especiales. Dichas plantas transgénicas que sintetizan un almidón modificado se describen, por ejemplo, en los documentos EP 0.571.427, WO 95/04826, EP 0.719.338, WO 96/15248, WO 96/19581, WO 96/27674, WO 97/11188, WO 97/26362, WO 97/32985, WO 97/42328, WO 97/44472, WO 97/45545, WO 98/27212, WO 98/405039958688, WO 08184, WO 00/08185, WO 00/08175, WO 00/28052, WO 00/77229, WO 01/12782, WO 01/12826, WO 02/101059, WO 03/071860, WO 04/056999, WO 05/030942, WO 2005/030941, WO 2005/095632, WO 2005/095617, WO 2005/095619, WO 2005/095618, WO 2005/123927, WO 2006/018319, WO 2006/103107, WO 2006/108702, WO 2007/009823, WO 00/22140, WO 2006/063862, WO 2006/072603, WO 02/034923, WO 2008/017518, WO 2008/080630, WO 2008/080631, EP 07090007.12008090008, EP , EP 9958690, EP 995865400, EP , WO 01/14569, WO 02/79410, WO 03/33540, WO 2004/078983, WO 01/19975, WO 95/26407, WO 96/34968, WO 98/20145, WO 99/12950, WO 99/66050, WO 99/53072, US 6,734,341, WO 00/11192, WO 98/22604, WO 98/32326, WO 01/98509, WO 01/98509, WO 2005/002359, US 5,824,790, US 6,013,861, WO 94/04693, WO 94/09144, WO 94/11520, WO 95/35026, WO 97/20936, WO 2010/012796, WO 2010/003701,

2) plantas transgénicas que sintetizan polímeros de carbohidratos distintos del almidón o que sintetizan polímeros de carbohidratos distintos del almidón, con propiedades alteradas en comparación con plantas de tipo silvestre sin modificación genética. Los ejemplos son plantas que producen polifruktosa, en especial del tipo inulina y levano, como se describe en los documentos EP-A 0.663.956, WO 96/01904, WO 96/21023, WO 98/39460 y WO 99/24593, plantas que producen alfa-1,4-glucanos como se describe en los documentos WO 95/31553, US 2002/031826, US 6.284.479, US 5.712.107, WO 97/47806, WO 97/47807, WO 97/47808 y WO 00/14249, plantas que producen alfa-1,4-glucanos alfa-1,6 ramificados, como se describe en el documento WO 00/73422, plantas que producen alternano, como se describe en los documentos, por ejemplo WO 00/47727, WO

00/73422, EP 06077301.7, US 5,908,975 y EP-A 0.728.213,

3) plantas transgénicas que producen hialuronano, como se describe, por ejemplo, en los documentos WO 2006/032538, WO 2007/039314, WO 2007/039315, WO 2007/039316, JP-A 2006/-304779, y WO 2005/012529.

5 4) plantas transgénicas o plantas híbridas, tales como cebollas con características tales como "alto contenido en sólidos solubles", "baja amargura" (LP) y/o "conservación larga" (LS).

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (que pueden obtenerse mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse de acuerdo con la invención son plantas, tales como plantas de algodón, con características alteradas de la fibra. Dichas plantas pueden obtenerse mediante transformación genética, o mediante selección de plantas que contienen una mutación que proporciona dichas características alteradas de la fibra e incluyen:

a) Plantas, tales como plantas de algodón, que contienen una forma alterada de los genes de la celulosa sintasa, como se describe en el documento WO 98/00549.

b) Plantas, tales como plantas de algodón, que contienen una forma alterada de los ácidos nucleicos homólogos de rsw2 o rsw3, como se describe en el documento WO 2004/053219.

15 c) Plantas, tales como plantas de algodón, que tienen una expresión aumentada de la sacarosa fosfato sintasa, como se describe en el documento WO 01/17333.

d) Plantas, tales como plantas de algodón, que tienen una expresión aumentada de la sacarosa sintasa, como se describe en el documento WO 02/45485.

20 e) Plantas, tales como plantas de algodón, en las que está alterado el tiempo apertura de los plasmodesmos en la base de las células de fibras, por ejemplo mediante la regulación negativa de la β -1,3-glucanasa selectiva de fibra, como se describe en el documento WO 2005/017157, o como se describe en el documento WO 2009/143995.

25 f) Plantas, tales como plantas de algodón, que tienen fibras con una reactividad alterada, por ejemplo, a través de la expresión del gen de la N-acetilglucosamina transferasa incluyendo los genes nodC y quitina sintasa, como se describe en el documento WO 2006/136351

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (que pueden obtenerse mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse de acuerdo con la invención son plantas, tales como colza oleaginosa o plantas *Brassica* relacionadas, con unas características alteradas del perfil oleaginoso. Dichas plantas pueden obtenerse mediante transformación genética, o mediante selección de plantas que contienen una mutación que proporciona dichas características de perfil oleoso alteradas e incluyen:

a) Plantas, tales como plantas de colza oleaginosa, que producen aceite con un alto contenido en ácido oleico, tal como se describe, por ejemplo, en los documentos US 5.969.169, US 5.840.946, US 6.323.392 o US 6.063.947

35 b) Plantas, tales como plantas de colza oleaginosa, que producen aceite que tiene un contenido bajo en ácido linoléico, tal como se describe en los documentos US 6.270.828, US 6.169.190 o US 5.965.755

c) Plantas, tales como plantas de colza oleaginosa, que producen aceite que tiene un nivel bajo de ácidos grasos saturados, tal como se describe por ejemplo en la patente de EE.UU. No. 5.434.283 o en la solicitud de patente de EE.UU. N.º 12/668303.

40 Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (que pueden obtenerse mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse según la invención son plantas, tales como colza oleaginosa o plantas *Brassica* relacionadas, con unas características alteradas de rotura de las semillas. Dichas plantas se pueden obtener por transformación genética o por selección de plantas que contienen una mutación que imparte dichas características alteradas de rotura de las semillas, e incluyen plantas tales como plantas de colza oleaginosa con rotura de las semillas retrasada o reducida, como se describe en la solicitud de patente de EE.UU. n.º 61/135.230 y en los documentos WO 2009/068313 y WO 2010/006732.

Las plantas o las variedades de plantas cultivadas (que pueden obtenerse mediante procedimientos de biotecnología de plantas tales como ingeniería genética) que también pueden tratarse de acuerdo con la invención son plantas, tales como plantas de tabaco, con patrones de modificación de proteínas post-translacionales alterados, por ejemplo como se describe en los documentos WO 2010/121818 y WO 2010/145846.

50 Las plantas transgénicas particularmente útiles que se pueden tratar según la invención, son plantas que contienen transformaciones transgénicas o combinaciones de transformaciones transgénicas, que son objeto de demanda para el estado no regulado, en los Estados Unidos de América, al Servicio de inspección de Salud de Animales y Plantas (APHIS) del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA), si dichas demandas se han concedido o están

todavía pendientes. Esta información está disponible en APHIS (4700 River Road Riverdale, MD 20737, EE.UU), por ejemplo, en su sitio de internet (URL http://www.aphis.usda.gov/brs/not_reg.html). En la fecha de presentación de esta solicitud, las solicitudes de no regulación que estaban en tramitación ante APHIS o que habían sido concedidas por APHIS eran las que contienen la información siguiente:

- 5 - Petición: el número de identificación de la petición. Las descripciones técnicas de los sucesos e transformación se pueden encontrar en los documentos de solicitud individual que se pueden obtener de APHIS, por ejemplo en la página web de APHIS, con referencia a este número de petición. Estas descripciones se incorporan al presente documento por referencia.
- Extensión de petición: referencia a una petición previa para la que se ha pedido una ampliación.
- 10 - Institución: el nombre de la entidad a la que se envía la petición.
- Artículo regulado: la especie de planta implicada.
- Fenotipo transgénico: la característica conferida a las plantas por el suceso de transformación.
- Línea o suceso de transformación: el nombre del suceso o sucesos (a veces también designado como línea o líneas) para las que se solicita una no regulación.
- 15 - Documentos APHIS: diversos documentos publicados por APHIS con relación a la Solicitud y que pueden ser solicitados a APHIS.

Las plantas adicionales particularmente útiles que contienen una transformación transgénica o combinaciones de transformaciones transgénicas están listadas, por ejemplo, en la base de datos de diferentes agencias reguladoras nacionales o regionales (véase por ejemplo http://GMOinfo.jrc.it/gmp_browse.aspx y <http://www.agbios.com/dbase.php>).

- Las plantas transgénicas particularmente útiles que se pueden tratar según la invención son plantas que contienen sucesos de transformación, o una combinación de sucesos de transformación, y que se listan, por ejemplo, en las bases de datos de diversas agencias de regulación nacionales o regionales que incluyen el Suceso 1143-14A (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2006/128569); Suceso 1143-51B (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2006/128570); Suceso 1445 (algodón, tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en los documentos US-A 2002-120964 o WO 02/034946); Suceso 17053 (arroz, tolerancia a herbicida, depositado como PTA-9843, descrito en el documento WO 2010/117737); Suceso 17314 (arroz, tolerancia a herbicida, depositado como PTA-9844, descrito en el documento WO 2010/117735); Suceso 281-24-236 (algodón, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como PTA-6233, descrito en los documentos WO 2005/103266 o US-A 2005-216969); Suceso 3006-210-23 (algodón, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como PTA-6233, descrito en los documentos US-A 2007-143876 o WO 2005/103266); Suceso 3272 (maíz, característica de calidad, depositado como PTA-9972, descrito en los documentos WO 2006/098952 o US-A 2006-230473); Suceso 40416 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-11508, descrito en el documento WO 2011/075593); Suceso 43A47 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-11509, descrito en el documento WO 2011/075595); Suceso 5307 (maíz, control de insectos, depositado como ATCC PTA-9561, descrito en el documento WO 2010/077816); Suceso ASR-368 (Agróstide, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-4816, descrito en los documentos US-A 2006-162007 o WO 2004/053062); Suceso B16 (maíz, tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en el documento US-A 2003-126634); Suceso BPS-CV127-9 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como NCIMB No. 41603, descrito en el documento WO 2010/080829); Suceso CE43-67B (algodón, control de insectos, depositado como DSM ACC2724, descrito en los documentos US-A 2009-217423 o WO2006/128573); Suceso CE44-69D (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento US-A 2010-0024077); Suceso CE44-69D (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2006/128571); Suceso CE46-02A (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2006/128572); Suceso COT102 (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en los documentos US-A 2006-130175 o WO 2004/039986); Suceso COT202 (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en los documentos US-A 2007-067868 o WO 2005/054479); Suceso COT203 (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2005/054480); Suceso DAS40278 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-10244, descrito en el documento WO 2011/022469); Suceso DAS-59122-7 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA 11384, descrito en el documento US-A 2006-070139); Suceso DAS-59132 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en el documento WO 2009/100188); Suceso DAS68416 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-10442, descrito en los documentos WO 2011/066384 o WO 2011/066360); Suceso DP-098140-6 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-8296, descrito en los documentos US-A 2009-137395 o WO 2008/112019); Suceso DP-305423-1 (soja, característica de calidad, no depositado, descrito en los documentos US-A 2008-312082 o WO 2008/054747); Suceso DP-32138-1 (maíz, sistema de hibridación, depositado como ATCC PTA-9158, descrito en los documentos US-A 2009-0210970 o WO 2009/103049); Suceso DP-356043-5 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-8287, descrito en los documentos US-A 2010-0184079 o WO 2008/002872); Suceso EE-1 (berenjena, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2007/091277); Suceso FI117 (maíz, tolerancia a

herbicida, depositado como ATCC 209031, descrito en los documentos US-A 2006-059581 o WO 98/044140); Suceso GA21 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC 209033, descrito en los documentos US-A 2005-086719 o WO 98/044140); Suceso GG25 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC 209032, descrito en los documentos US-A 2005-188434 o WO 98/044140); Suceso GHB119 (algodón, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-8398, descrito en el documento WO 2008/151780); Suceso GHB614 (algodón, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-6878, descrito en los documentos US-A 2010-050282 o WO 2007/017186); Suceso GJ11 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC 209030, descrito en los documentos US-A 2005-188434 o WO 98/044140); Suceso GM RZ13 (remolacha azucarera, resistencia a virus, depositado como NCIMB-41601, descrito en el documento WO 2010/076212); Suceso H7-1 (remolacha azucarera, tolerancia a herbicida, depositado como NCIMB 41158 o NCIMB 41159, descrito en los documentos US-A 2004-172669 o WO 2004/074492); Suceso JOPLIN1 (trigo, tolerancia a enfermedades, no depositado, descrito en el documento US-A 2008-064032); Suceso LL27 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como NCIMB41658, descrito en los documentos WO 2006/108674 o US-A 2008-320616); Suceso LL55 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como NCIMB 41660, descrito en los documentos WO 2006/108675 o US-A 2008-196127); Suceso LLCotton25 (algodón, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-3343, descrito en WO 03/013224 o US-A 2003-097687); Suceso LLarroz06 (arroz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC-23352, descrito en los documentos US 6,468,747 o WO 00/026345); Suceso LLarroz601 (arroz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-2600, descrito en los documentos US-A 2008-2289060 o WO 00/026356); Suceso LY038 (maíz, característica de calidad, depositado como ATCC PTA-5623, descrito en los documentos US-A 2007-028322 o WO 2005/061720); Suceso MIR162 (maíz, control de insectos, depositado como PTA-8166, descrito en los documentos US-A 2009-300784 o WO 2007/142840); Suceso MIR604 (maíz, control de insectos, no depositado, descrito en los documentos US-A 2008-167456 o WO 2005/103301); Suceso MON15985 (algodón, control de insectos, depositado como ATCC PTA-2516, descrito en los documentos US-A 2004-250317 o WO 02/100163); Suceso MON810 (maíz, control de insectos, no depositado, descrito en el documento US-A 2002-102582); Suceso MON863 (maíz, control de insectos, depositado como ATCC PTA-2605, descrito en los documentos WO 2004/011601 o US-A 2006-095986); Suceso MON87427 (maíz, control de polinización, depositado como ATCC PTA-7899, descrito en el documento WO 2011/062904); Suceso MON87460 (maíz, tolerancia al estrés, depositado como ATCC PTA-8910, descrito en los documentos WO 2009/111263 o US-A 2011-0138504); Suceso MON87701 (soja, control de insectos, depositado como ATCC PTA-8194, descrito en los documentos US-A 2009-130071 o WO 2009/064652); Suceso MON87705 (soja, característica de calidad - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-9241, descrito en los documentos US-A 2010-0080887 o WO 2010/037016); Suceso MON87708 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA9670, descrito en el documento WO 2011/034704); Suceso MON87754 (soja, característica de calidad, depositado como ATCC PTA-9385, descrito en el documento WO 2010/024976); Suceso MON87769 (soja, característica de calidad, depositado como ATCC PTA-8911, descrito en los documentos US-A 2011-0067141 o WO 2009/102873); Suceso MON88017 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-5582, descrito en los documentos US-A 2008-028482 o WO 2005/059103); Suceso MON88913 (algodón, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-4854, descrito en los documentos WO 2004/072235 o US-A 2006-059590); Suceso MON89034 (maíz, control de insectos, depositado como ATCC PTA-7455, descrito en los documentos WO 2007/140256 o US-A 2008-260932); Suceso MON89788 (soja, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-6708, descrito en los documentos US-A 2006-282915 o WO 2006/130436); Suceso MS11 (colza oleaginosa, control de polinización - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-850 o PTA-2485, descrito en el documento WO 01/031042); Suceso MS8 (colza oleaginosa, control de polinización - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-730, descrito en los documentos WO 01/041558 o US-A 2003-188347); Suceso NK603 (maíz, tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-2478, descrito en el documento US-A 2007-292854); Suceso PE-7 (arroz, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2008/114282); Suceso RF3 (colza oleaginosa, control de polinización - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-730, descrito en los documentos WO 01/041558 o US-A 2003-188347); Suceso RT73 (colza oleaginosa, tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en los documentos WO 02/036831 o US-A 2008-070260); Suceso T227-1 (remolacha azucarera, tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en los documentos WO 02/44407 o US-A 2009-265817); Suceso T25 (maíz, tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en los documentos US-A 2001-029014 o WO 01/051654); Suceso T304-40 (algodón, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-8171, descrito en los documentos US-A 2010-077501 o WO 2008/122406); Suceso T342-142 (algodón, control de insectos, no depositado, descrito en el documento WO 2006/128568); Suceso TC1507 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, no depositado, descrito en los documentos US-A 2005-039226 o WO 2004/099447); Suceso VIP1034 (maíz, control de insectos - tolerancia a herbicida, depositado como ATCC PTA-3925, descrito en el documento WO 03/052073); Suceso 32316 (maíz, control de insectos-tolerancia a herbicida, depositado como PTA-11507, descrito en el documento WO 2011/084632); Suceso 4114 (maíz, control de insectos-tolerancia a herbicida, depositado como PTA-11506, descrito en el documento WO 2011/084621).

La composición de acuerdo con la invención también puede usarse contra enfermedades fúngicas susceptibles de desarrollarse sobre madera o en el interior de la misma. El término "madera" significa todos los tipos de especies de madera y todos los tipos de labores de esta madera destinados a la construcción, por ejemplo, madera maciza, madera de alta densidad, madera laminada y contrachapado. El procedimiento para tratar la madera de acuerdo con la invención consiste fundamentalmente en ponerla en contacto con uno o más compuestos según la invención, o con una composición según la invención; éste incluye, por ejemplo, la aplicación directa, la pulverización, la inmersión, la inyección o cualquier otro medio adecuado.

Entre las enfermedades de plantas o cultivos que se pueden proteger por los procedimientos según la invención, puede hacerse mención a:

Enfermedades por mildius tales como:

- 5 Enfermedades por *Blumeria*, producidas por ejemplo por *Blumeria graminis*;
 Enfermedades por *Podosphaera*, producidas por ejemplo por *Podosphaera leucotricha*;
 Enfermedades por *Sphaerotheca*, producidas por ejemplo por *Sphaerotheca fuliginosa*;
 Enfermedades por *Uncinula*, producidas por ejemplo por *Uncinula necator*;

Enfermedades por roya, tales como:

- 10 Enfermedades por *Gymnosporangium*, producidas por ejemplo por *Gymnosporangium sabinae*;
 Enfermedades por *Hemileia*, producidas por ejemplo por *Hemileia vastatrix*;
 Enfermedades por *Fakopsora*, producidas por ejemplo por *Fakopsora pachyrhizi* o *Fakopsora meibomiae*;
 Enfermedades por *Puccinia*, producidas por ejemplo por *Puccinia recondita*, *Puccinia graminis* o *Puccinia striiformis*;
 Enfermedades por *Uromyces*, producidas por ejemplo por *Uromyces appendiculatus*;

15 Enfermedades por oomicetos tales como:

- Enfermedades por *Albugo*, producidas por ejemplo por *Albugo candida*;
 Enfermedades por *Bremia*, producidas por ejemplo por *Bremia lactucae*;
 Enfermedades por *Peronospora*, producidas por ejemplo por *Peronospora pisi* o *P. brassicae*;
 Enfermedades por *Fytoftora*, producidas por ejemplo por *Fytoftora infestans*;
 20 Enfermedades por *Plasmopara*, producidas por ejemplo por *Plasmopara viticola*;
 Enfermedades por *Pseudoperonospora*, producidas por ejemplo por *Pseudoperonospora humuli* o

Pseudoperonospora cubensis;

Enfermedades por *Pythium*, producidas por ejemplo por *Pythium ultimum*;

Enfermedades por manchas foliares, enrojecimiento foliar y tizón foliar, tales como:

- 25 Enfermedades por *Alternaria*, producidas por ejemplo por *Alternaria solani*;
 Enfermedades por *Cercospora*, producidas por ejemplo por *Cercospora beticola*;
 Enfermedades por *Cladosporium*, producidas por ejemplo por *Cladosporium cucumerinum*;
 Enfermedades por *Cochliobolus*, causadas por ejemplo por *Cochliobolus sativus* (en forma de conidio):
 30 *Conidiaform: Drechslera*, Sin: *Helminthosporium*) o *Cochliobolus miyabeanus*;
 Enfermedades por *Colletotrichum*, producidas por ejemplo por *Colletotrichum lindemuthianum*;
 Enfermedades por *Cicloconium*, producidas por ejemplo por *Cicloconium oleaginum*;
 Enfermedades por *Diaporthe*, producidas por ejemplo por *Diaporthe citri*;
 Enfermedades por *Elsinoe*, producidas por ejemplo por *Elsinoe fawcettii*;
 Enfermedades por *Gloeosporium*, producidas por ejemplo por *Gloeosporium laeticolor*;
 35 Enfermedades por *Glomerella*, producidas por ejemplo por *Glomerella cingulata*;
 Enfermedades por *Guignardia*, producidas por ejemplo por *Guignardia bidwellii*;
 Enfermedades por *Leptosphaeria*, producidas por ejemplo por *Leptosphaeria maculans*; *Leptosphaeria nodorum*;
 Enfermedades por *Magnaporthe*, producidas por ejemplo por *Magnaporthe grisea*;
 40 Enfermedades por *Mycosphaerella*, producidas por ejemplo por *Mycosphaerella graminicola*; *Mycosphaerella arachidicola*; *Mycosphaerella fijjensis*;
 Enfermedades por *Faeosphaeria*, producidas por ejemplo por *Faeosphaeria nodorum*;
 Enfermedades por *Pyrenophora*, causadas por ejemplo por *Pyrenophora teres* o *Pyrenophora tritici repentis*;
 45 Enfermedades por *Ramularia*, causadas por ejemplo por *Ramularia collo-cygni* o *Ramularia areola*;
 Enfermedades por *Rhynchosporium*, producidas por ejemplo por *Rhynchosporium secalis*;
 Enfermedades por *Septoria*, producidas por ejemplo por *Septoria apii* o *Septoria lycopersici*;
 Enfermedades por *Tyfula*, producidas por ejemplo por *Tyfula incarnata*;
 Enfermedades por *Venturia*, producidas por ejemplo por *Venturia inaequalis*;

50 Enfermedades de raíz, vaina y tallo, tales como

- Enfermedades por *Corticium*, producidas por ejemplo por *Corticium graminarium*;
 Enfermedades por *Fusarium*, producidas por ejemplo por *Fusarium oxisporum*;
 Enfermedades por *Gaeumannomyces*, producidas por ejemplo por *Gaeumannomyces graminis*;
 Enfermedades por *Rhizoctonia*, producidas por ejemplo por *Rhizoctonia solani*;
 55 Enfermedades por *Sarocladium*, producidas por ejemplo por *Sarocladium oryzae*;

Enfermedades por *Sclerotium*, producidas por ejemplo por *Sclerotium oryzae*;
 Enfermedades por *Tapesia*, producidas por ejemplo por *Tapesia acuformis*;
 Enfermedades por *Thielaviopsis*, producidas por ejemplo por *Thielaviopsis basicola*;

Enfermedades de la mazorca y de la panícula, tales como:

- 5 Enfermedades por *Alternaria*, producidas por ejemplo por *Alternaria spp*;
 Enfermedades por *Aspergillus*, producidas por ejemplo por *Aspergillus flavus*;
 Enfermedades por *Cladosporium*, producidas por ejemplo por *Cladosporium spp.*;
 Enfermedades por *Claviceps*, producidas por ejemplo por *Claviceps purpurea*;
 Enfermedades por *Fusarium*, producidas por ejemplo por *Fusarium culmorum*;
 10 Enfermedades por *Gibberella*, producidas por ejemplo por *Gibberella zeae*;
 Enfermedades por *Monograpella*, producidas por ejemplo por *Monograpella nivalis*;

Enfermedades por carbón y tizón, tales como:

- 15 Enfermedades por *Sphacelotheca*, producidas por ejemplo por *Sphacelotheca reiliana*;
 Enfermedades por *Tilletia*, producidas por ejemplo por *Tilletia caries*;
 Enfermedades por *Urocystis*, producidas por ejemplo por *Urocystis occulta*;
 Enfermedades por *Ustilago*, producidas por ejemplo por *Ustilago nuda*;

Enfermedades por podredumbre y moho de la fruta tales como:

- 20 Enfermedades por *Aspergillus*, producidas por ejemplo por *Aspergillus flavus*;
 Enfermedades por *Botrytis*, producidas por ejemplo por *Botrytis cinerea*;
 Enfermedades por *Penicillium*, producidas por ejemplo por *Penicillium expansum*
 Enfermedades por *Rhizopus*, producidas por ejemplo por *Rhizopus stolonifer*
 Enfermedades por *Sclerotinia*, producidas por ejemplo por *Sclerotinia sclerotiorum*;
 Enfermedades por *Verticillium*, producidas por ejemplo por *Verticillium alboatrum*;

Enfermedades por podredumbre de las semillas y del suelo, moho, marchitez, roña y caída:

- 25 Enfermedades por *Alternaria*, producidas por ejemplo *Alternaria brassicicola*
 Enfermedades por *Afanomyces*, producidas por ejemplo por *Afanomyces euteiches*
 Enfermedades por *Ascochyta*, producidas por ejemplo por *Ascochyta lentis*
 Enfermedades por *Aspergillus*, producidas por ejemplo por *Aspergillus flavus*
 Enfermedades por *Cladosporium*, producidas por ejemplo por *Cladosporium herbarum*
 30 Enfermedades por *Cochliobolus*, producidas por ejemplo por *Cochliobolus sativus*
 (En forma de conidio: *Drechslera*, *Bipolaris* Sinónimo: *Helminthosporium*);
 Enfermedades por *Colletotrichum*, producidas por ejemplo por *Colletotrichum coccodes*;
 Enfermedades por *Fusarium*, producidas por ejemplo por *Fusarium culmorum*;
 Enfermedades por *Gibberella*, producidas por ejemplo por *Gibberella zeae*;
 35 Enfermedades por *Macrofomina*, producidas por ejemplo por *Macrofomina faseolina*
 Enfermedades por *Monograpella*, producidas por ejemplo por *Monograpella nivalis*;
 Enfermedades por *Penicillium*, producidas por ejemplo por *Penicillium expansum*
 Enfermedades por *Phoma*, producidas por ejemplo por *Phoma lingam*
 Enfermedades por *Phomopsis*, producidas por ejemplo por *Phomopsis sojae*;
 40 Enfermedades por *Phytothora*, producidas por ejemplo por *Phytothora cactorum*;
 Enfermedades por *Pyrenofora*, producidas por ejemplo por *Pyrenofora graminia*
 Enfermedades por *Pyricularia*, producidas por ejemplo por *Pyricularia oryzae*;
 Enfermedades por *Pythium*, producidas por ejemplo por *Pythium ultimum*;
 Enfermedades por *Rhizoctonia*, producidas por ejemplo por *Rhizoctonia solani*;
 45 Enfermedades por *Rhizopus*, producidas por ejemplo por *Rhizopus oryzae*
 Enfermedades por *Sclerotium*, producidas por ejemplo por *Sclerotium rolfsii*;
 Enfermedades por *Septoria*, producidas por ejemplo por *Septoria nodorum*;
 Enfermedades por *Typhula*, producidas por ejemplo por *Typhula incarnata*;
 Enfermedades por *Verticillium*, producidas por ejemplo por *Verticillium dahliae*;

50 Enfermedades por chancro, retama y puntiseco tales como:

Enfermedades por *Nectria*, producidas por ejemplo por *Nectria galligena*;

Enfermedades por tizón, tales como:

Enfermedades por *Monilinia*, producidas por ejemplo por *Monilinia laxa*;

Enfermedades por ampolla de la hoja o encrespamiento de la hoja, tales como:

Enfermedades por *Exobasidium*, producidas por ejemplo por *Exobasidium vexans*;
 Enfermedades por *Taphrina*, producidas por ejemplo por *Taphrina deformans*;

Enfermedades de deterioro de plantas madereras, tales como:

- 5 Enfermedades por *Esca*, producidas por ejemplo por *Phaemoniella clamydospora*;
 Acronecrosis por *Eutypa*, producida por ejemplo por *Eutypa lata*;
 Enfermedades por *Ganoderma*, producidas por ejemplo por *Ganoderma boninense*;
 Enfermedades por *Rigidoporus*, causadas por ejemplo por *Rigidoporus lignosus*

Enfermedades de Flores y Semillas tales como:

Enfermedades por *Botrytis*, causadas por ejemplo por *Botrytis cinerea*;

- 10 Enfermedades de Tubérculos, tales como:

Enfermedades por *Rhizoctonia*, causadas por ejemplo por *Rhizoctonia solani*;
 Enfermedades por *Helminthosporium*, producidas por ejemplo por *Helminthosporium solani*;

Enfermedades por Hernia de las raíces de las crucíferas, tales como

Enfermedades por *Plasmiodiophora*, causadas por ejemplo por *Plasmiodiophora brassicae*.

- 15 Enfermedades causadas por Organismos Bacterianos, tales como:

especies de *Xanthomonas*, por ejemplo *Xanthomonas campestris pv. oryzae*;
 especies de *Pseudomonas*, por ejemplo *Pseudomonas syringae pv. lachrymans*;
 especies de *Erwinia*, por ejemplo *Erwinia amylovora*.

Leyendas de las figuras

- 20 **Figura 1** : Medición de la inhibición del crecimiento de *Phytophthora infestans* en presencia de ARNdc dirigido contra el ARN mensajero de sacaropina deshidrogenasa.

Figura 2 : Análisis del nivel de ARNm de sacaropina deshidrogenasa por qRT PCR.

Listado de secuencias:

- 25 **SEQ ID N°1**: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Aspergillus clavatus*.
SEQ ID N°2: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°3: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Aspergillus fumigatus*.
SEQ ID N°4: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°5: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Botrytis cinerea*.
 30 **SEQ ID N°6**: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°7: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Fusarium graminearum*.
SEQ ID N°8: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°9: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Fusarium oxysporum*.
SEQ ID N°10: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°11: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Fusarium verticilloides*.
 35 **SEQ ID N°12**: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°13: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Fusarium verticilloides*.
SEQ ID N°14: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°15: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Mycosphaerella fijiensis*.
SEQ ID N°16: Polipéptido codificado por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
 40 **SEQ ID N°17**: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Magnaporthe grisea*.
SEQ ID N°18: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°19: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Monoliophthora perniciosa*.
SEQ ID N°20: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°21: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Puccinia graminis*.
 45 **SEQ ID N°22**: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°23: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Phytophthora infestans*.
SEQ ID N°24: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°25: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Phytophthora ramorum*.
SEQ ID N°26: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
 50 **SEQ ID N°27**: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Phytophthora sojae*.
SEQ ID N°28: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°29: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Pyrenophora tritici-repentis*.
SEQ ID N°30: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°31: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Sclerotinia sclerotiorum*.

- SEQ ID N°32:** Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°33: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Trichoderma reesei*.
SEQ ID N°34: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°35: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Ustilago maydis*.
 5 **SEQ ID N°36:** Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°37: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Verticillium albo-atrum*.
SEQ ID N°38: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°39: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Mycosphaerella graminicola*.
SEQ ID N°40: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
 10 **SEQ ID N°41:** Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Fusarium moniliform*.
SEQ ID N°42: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°43: Sacaropina deshidrogenasa (LYS1) de *Claviceps purpurea*.
SEQ ID N°44: Proteína codificada por la secuencia de ácidos nucleicos anterior.
SEQ ID N°45: Cebador SACdh_Pi_T7_F
 15 **SEQ ID N°46:** Cebador SACdh_Pi_T7_R
SEQ ID N°47: Cebador Actina sentido
SEQ ID N°48: Cebador Actina antisentido
SEQ ID N°49: Cebador β -Tub sentido
SEQ ID N°50: Cebador β -Tub antisentido
 20 **SEQ ID N°51:** Cebador SACdh sentido
SEQ ID N°52: Cebador SACdh antisentido
SEQ ID N°53: Cebador pBINB33-1
SEQ ID N°54: Cebador pBINB33-2
SEQ ID N°55: Cebador SacdhPI R
 25 **SEQ ID N°56:** Cebador SacdhPI F
SEQ ID N°57: Cebador LYS1 Pot 117-F
SEQ ID N°58: Cebador LYS1 Pot 117-R

Los diversos aspectos de la invención se entenderán más claramente a partir de los ejemplos experimentales siguientes.

- 30 Todos los procedimientos u operaciones descritos a continuación se ofrecen a modo de ejemplo y corresponden a una elección hecha a partir de varios procedimientos asequibles para lograr el mismo resultado. Esta elección carece de efecto sobre la calidad del resultado y, en consecuencia, el experto en la técnica puede usar cualquier procedimiento adecuado para obtener el mismo resultado. En particular, y a menos que se especifique lo contrario
 35 en los ejemplos, todas las técnicas de ADN recombinante usadas se llevan a cabo según los protocolos convencionales descritos en Sambrook y Russel. (2001, *Molecular Cloning: A laboratory manual*, tercera Edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY), en Ausubel y col. (1994, *Current Protocols in Molecular Biology*, Current protocols, EE.UU. Volúmenes 1 y 2), y en Brown (1998, *Molecular Biology LabFax*, segunda edición, Academic Press, UK). Los materiales y procedimientos convencionales para biología molecular vegetal se describen en Croy R.D.D. (1993, *Plant Molecular Biology LabFax*, BIOS Scientific Publications Ltd (UK) y Blackwell Scientific Publications (UK)). Los materiales y procedimientos convencionales para PCR (Reacción de la Cadena Polimerasa)
 40 se describen también en Dieffenbach y Dveksler (1995, *PCR Primer: A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY) y en McPherson y col. (2000, *PCR - Basics: From background to bench*, primera edición, Springer Verlag, Alemania).

Referencias bibliográficas:

- 45 - Bevan, 1984, Nucl Acids Res 12: 8711-8721
 - Bhattacharjee, J. K., 1985, Crit. Rev.Microbiol. 12, 131-151
 - Bhattacharjee, J. K., 1992, in Handbook of Evolution of Metabolic Function, Mortlock, R. P., ed., CRC Press, Boca Raton, FL, pp. 47-80
 - Born T.L. and Blanchard J.S., 1999, Curr. Opin. Chem. Biol., 3:607-613
 50 - Broquist, H. P., 1971, Methods Enzymol. 17, 112-129
 - Chuang and Meyerowitz, 2000, PNAS, 97: 4985-4990
 - Ehmann y col., 1999, biochemistry, 38,6171-6177
 - Escobar y col., 2001, Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 98(23): 13437-13442
 - Fire y col. 1998, Nature 391: 806-811
 55 - Garrad, R. C. and Bhattacharjee, J. K., 1992, J. Bacteriol. 174, 7379-7384
 - Gielen y col, 1984, EMBO Journal 3, 835-846
 - Hamilton y Baulcome, 1999, Science 286: 950-952
 - Hamilton y col., 1998, Plant J, 15: 737-746
 - Hammond y col., 2000, Nature 404: 293-296
 60 - Hannon, 2002, Nature, 418 (6894): 244-51
 - Herrera-Estrella y col, 1983 Nature, 303, 209-213
 - Hofgen y Willmitzer, 1990, Plant Science 66, 221-230

- Houmard y col., 2007, Plant Biotechnology Journal 5, 605-614
- Montgomery y col., 1998, PNAS 95: 15502-15507
- Pandolfini y col., 2003, Biotechnol., 25; 3(1): 7
- Pietrzak y col., 1986 Nucleic Acids Res. 14, 5858
- 5 - Thompson y col., Nucleic Acids Research 22 (1994), 4673-4680
- Umbargar, H. E., 1978, Annu. Rev. Biochem. 47, 533-606
- Randall, T.A., 2005, MPMI, 18, 229-243
- Rocha-Sosa y col., 1989, EMBO J. 8, 23-29
- Ruiz Ferrer y Voinnet, Annu. Rev. Plant Biol. 2009. 60:485-510
- 10 - Sambrook y col., 2001, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, tercera edición, ISBN978-087969577-4
- Silué y col. Physiol. Mol. Plant Pathol., 53 239-251, 1998
- Stärkel C., Ph. D. tesis "Host induced gene silencing - strategies for the improvement of resistance against Cercospora beticola in sugar beet (B. vulgaris L.) and against Fusarium graminearum in wheat (T. aestivum L.) and maize (Z. mays L.)", defendida en junio de 2011, XP002668931, obtenida en internet (2012-02-07) en <http://ediss.sub.uni-hamburg.de/volltexte/2011/5286/pdf/Dissertation.pdf>
- 15 - Tang y col., 2003 Gene Dev., 17(1): 49-63
- Villalba y col. Fungal Genetics and Biology 45, 68-75, 2008
- Vogel, H. J., 1965, in Handbook of Evolving Genes and Proteins, Bryson, V., ed., Academic Press, New York, pp. 25-40
- 20 - Waterhouse y col., 1998, PNAS 95: 13959-13964,
- Wesley y col. The Plant Journal (2001); 27(6), 581-590
- Xiao y col., 2003, Plant Mol Biol., 52(5): 957-66
- Xu y col., 2006, Cell Bio chemistry and Biophysics, vol 46, 43-64
- Zamore y col., 2000, Cell, 101: 25-33,

25 Ejemplos

Ejemplo 1: Cultivo *in vitro* de *Magnaporthe grisea*

Los ensayos se llevaron a cabo usando la cepa natural de *Magnaporthe grisea* P1.2, procedente de la colección del laboratorio de fitopatología del CIRAD (Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement) de Montpellier. Las condiciones de cultivo, la composición del medio de arroz-agar, el mantenimiento y la esporulación, así como las preparaciones de protoplastos se describen en Silué y col. (1998).

Ejemplo 2: Transfección de *Magnaporthe grisea* con ARNdc dirigido contra sacaropina deshidrogenasa y medición de la inhibición del crecimiento

La secuencia génica Lys-1 de la sacaropina deshidrogenasa (SACdh) de *Magnaporthe grisea* (MGG_01359.6: 1426 pb) se obtuvo del Broad Institute (<http://www.broadinstitute.org/>). Se seleccionó una región de aproximadamente 325 pb para el ARNdc, que comprende los nucleótidos 301 hasta 626, que se sintetizó por la compañía Geneart y se clonó en el plásmido.

Para la transfección, se produjo ARNdc de sacaropina deshidrogenasa de *Magnaporthe grisea*, usando el kit de ARNi MEGAscript (Ambion), siguiendo las instrucciones del fabricante. Se trataron cantidades diferentes (200 µg a 2 µg de ARNdc) con el agente de transfección Lipofectamin RNAi max (Invitrogen) siguiendo las instrucciones del fabricante. Se agregaron complejos de Lipofectamin-ARNdc a $2,5 \times 10^6$ protoplastos de *Magnaporthe grisea* en una placa de microtitulación con medio TB3 (Villalba y col., 2008), y el crecimiento se monitorizó durante 5-7 días a una DO de 600 nm, empleando un lector de microplaca Infinite M1000 (Tecan).

El crecimiento de protoplastos de *Magnaporthe grisea* tratados con ARNdc de sacaropina deshidrogenasa, en comparación con un control no tratado, se monitorizó en diversos tiempos del ensayo, poniendo de manifiesto una diferencia significativa del crecimiento.

Ejemplo 3: Cultivo *in vitro* de *Phytophthora infestans* y preparación de zoosporas.

La cepa PT78 de *Phytophthora infestans* se cultivó *in vitro* en placas Petri de 9 cm sobre medio de guisante-agar (125 g/l de guisantes hervidos y triturados, 20 g/l de agar agar, carbenicilina 100 mg/l) a 21 °C en oscuridad. Cada 15 días, se inoculó nuevo medio con cuatro bloques cúbicos de 5 mm de micelio.

Para liberar las zoosporas, se depositaron 12 ml de agua helada sobre un cultivo de 10 días de antigüedad, y el cultivo se mantuvo a 4 °C durante 2 horas. A continuación, se recogió el sobrenadante sin alterar el micelio, y se filtró a través de un tamiz de 100 µm para retirar los fragmentos de hifas. Las zoosporas se depositaron en hielo y se procedió al recuento con un hemocitómetro.

Ejemplo 4: Transfección de *Magnaporthe grisea* con ARNdc dirigido contra sacaropina deshidrogenasa y medición de la inhibición del crecimiento

5 La secuencia génica de sacaropina deshidrogenasa Lys-1 de *Phytophthora infestans* (PITG_03530 : 3020 pb) se obtuvo de la base de datos para *P. infestans* del Broad Institute. La compañía Geneart sintetizó una región de aproximadamente 500 pb que ofreció el mejor ARNip según el software de diseño BLOCKit RNAi (Invitrogen), y que comprendió los nucleótidos 2251 hasta 2750, y se clonó en el plásmido 0920357_SacDH_Pi_pMA.

10 La síntesis de ARNdc se llevó a cabo usando el kit Megascript RNAi (Ambion), siguiendo las instrucciones del fabricante y utilizando como molde un producto PCR amplificado a partir del plásmido 0920357_SacDH_Pi_pMA. El cebador sentido usado fue SACdh_Pi_T7_F: 5' TAATACGACTCACTATAGGGTTGCAGGAGAGCGCAGAAAGC y el cebador antisentido fue SACdh_Pi_T7_R : TAATACGACTCACTATAGGGTCAGTTGGAGTCCGCGTGGTGT.

A continuación, el ARNdc se precipitó con etanol al 100 % y acetato sódico 3 M, pH 5,2, se lavó 2 veces con etanol al 70 % y los granulados se resuspendieron en agua libre de ARNasa.

15 Las mezclas de transfección se prepararon en una placa de 48 pocillos mediante la adición secuencial de medio V8 (5 % de zumo V8 (Campbell Foods Belgium), pH 5), la cantidad apropiada de ARNdc y 10 µl de lipofectamina RNAi max (Invitrogen) en un volumen final de 200 µl. La mezcla de transfección se cultivó durante 15 min a temperatura ambiente.

Las zoosporas se diluyeron en zumo V8 hasta una concentración de 5×10^4 zoosporas/ml. A continuación, se agregaron 800 µl de la solución de zoosporas a cada pocillo de la placa. La concentración final de zoosporas fue de 4×10^5 zoosporas / ml.

20 En cada placa se añadieron tres controles: medio V8, medio V8 + zoosporas, medio V8 + zoosporas + lipofectamina. Las placas se incubaron a 21 °C, en la oscuridad.

25 El crecimiento del hongo se controló midiendo la absorbancia a 620 nm en un lector de placas (Infinite 1000, Tecan) durante 8 días. El porcentaje de inhibición del crecimiento se calculó usando la fórmula siguiente: $100 - (DO_{ARNdc} \times 100 / DO_{control \text{ lipofectamina}})$. El crecimiento del hongo se redujo en presencia de ARNdc dirigido contra la sacaropina deshidrogenasa de forma dependiente de la concentración (100 nM y 200 nM, respectivamente), como se muestra en la Figura 1.

Ejemplo 5: Análisis por PCR cuantitativa del ARN mensajero de la sacaropina deshidrogenasa de *P. infestans*

30 Para proporcionar suficiente ARN para la síntesis de ADNc y RT-PCR en tiempo real, se combinaron varios pocillos de la placa de 48 pocillos para una concentración del ARNdc ensayado: 10 pocillos para el punto de tiempo de 72 h, 6 pocillos para el punto de tiempo de 96 h, 3 pocillos para el punto de tiempo de 120 h.

Después de 72 h, 96 h y 120 h de tratamiento con el ARNdc, se recogieron los micelios. Las muestras se centrifugaron para eliminar el medio. Las muestras se congelaron en nitrógeno líquido y, a continuación, se liofilizaron durante la noche.

35 Antes de la extracción de ARN, se trituró el micelio. Se extrajo el ARN total utilizando el mini-kit RNeasy Plant (Qiagen) siguiendo el protocolo del fabricante. Por medio de digestión con desoxirARNasa (DNasa) se eliminó la contaminación con ADN de las muestras de ARN (DNA free, Ambion). Se comprobó la integridad del ARN con el Bioanizador 2100 (nano-kit RNA 6000, Agilent), siguiendo el protocolo suministrado por el fabricante. El ADNc se sintetizó a partir de 2 µg de ARN total por medio de cebado oligo dT usando el sistema de kit Thermoscript RT-PCR (Invitrogen), siguiendo el protocolo del fabricante. El ADNc se precipitó con EtOH al 100 % y acetato sódico 3 M, pH 5,2, se lavó 2 veces con EtOH al 70% y los granulados se resuspendieron en 10 µL de agua libre de ARNasa. El ADNc se diluyó cien veces para el ensayo de qPCR. Se diseñaron parejas de cebadores para cada secuencia génica, utilizando el software Primer Express 3 (Applied Biosystems). Se llevó a cabo una RT-PCR en tiempo real en un sistema 7900 Real Time PCR (Applied Biosystems) con una mezcla maestra Power SYBR green PCR (Applied Biosystems) siguiendo el protocolo del fabricante. La Q-PCR se realizó de la forma siguiente: 95 °C durante 10 min, 45 ciclos a 95 °C durante 15 s y 60 °C 1 min, seguido por una etapa de disociación a 95 °C durante 15 s, 60 °C durante 1 min y 95 °C durante 15 s.

45 Como controles endógenos se utilizaron los genes de actina y β-tubulina. La expresión relativa de los genes se calculó con el procedimiento $2^{-\Delta\Delta Ct}$. La Figura 2 muestra una reducción significativa del nivel de ARN mensajero de sacaropina deshidrogenasa, y esta reducción se correlaciona con la inhibición del crecimiento.

50

Tabla 1: Secuencia de cebadores para qPCR:

Nombre del cebador	secuencia del cebador sentido	secuencia del cebador antisentido
actina	CGACTCTGGTGACGGTGTGT	GCGTGAGGAAGAGCGTAACC
β -tub	CCGCCCAGACAATTTCTGT	CCTTGGCCCAGTTGTTACCA
SACdh	TGGGTGGTTTCCAAGGTCTTC	AAAGGCACCAAGCCACTGAA

Ejemplo 6: Construcción de vectores de transformación que contienen el gen de sacaropina deshidrogenasa de *Phytophthora infestans*.

5 a) Preparación del vector de expresión en plantas IR 47-71

El plásmido pBinAR es un derivado del plásmido de vector binario pBin19 (Bevan, 1984), que se construyó del modo siguiente: Se aisló un fragmento de una longitud de 529 pb que comprendió los nucleótidos 6909-7437 del promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor como el fragmento EcoR I/Kpn I del plásmido pDH51 (Pietrzak y col, 1986) y se ligó entre los sitios de restricción EcoR I y Kpn I del polienlazador de pUC18. De esta manera se formó el plásmido pUC18-35S. Utilizando las endonucleasas de restricción Hind III y Pvu II, se aisló un fragmento con una longitud de 192 pb que incluyó la señal de poliadenilación (extremo terminal 3') del gen de octopina sintasa (gen 3) del ADN-T del plásmido Ti pTiACH \bar{o} (Gielen y col, 1984) (nucleótidos 11 749-11 939) a partir del plásmido pAGV40 (Herrera-Estrella y col, 1983). Tras la adición de enlazadores Sph I al sitio de restricción Pvu II, se ligó el fragmento entre los sitios de restricción Sph I y Hind III de pUC18-35S. Se obtuvo así el plásmido pA7. En éste, se retiró todo el polienlazador que comprende el promotor 35S y el terminador Ocs usando EcoR I y Hind III y se ligó en un vector adecuadamente escindido pBin19. Se obtuvo de esta forma el vector de expresión en plantas pBinAR (Hofgen y Willmitzer, 1990).

El promotor del gen de patatina B33 de *Solanum tuberosum* (Rocha-Sosa y col., 1989) se ligó, como fragmento Dra I (nucleótidos -1512 - +14), en el vector escindido Ssf I pUC19, cuyos extremos habían sido hechos romos con T4-ADN polimerasa. Esto proporcionó el plásmido pUC19-B33. A partir de este plásmido, se retiró el promotor B33 usando EcoR I y Sma I y se ligó con el vector adecuadamente restringido pBinAR. De este modo, se obtuvo el vector de expresión en plantas pBinB33. Para facilitar etapas adicionales de clonación, se amplió el MCS (Sitio de Clonación Múltiple, por sus siglas en inglés). Con este fin, se sintetizaron dos oligonucleótidos complementarios, se calentaron a 95 °C durante 5 minutos, se enfriaron lentamente a temperatura ambiente para permitir una buena fijación (hibridación) y se clonaron en los sitios de restricción Sal I y Kpn I de pBinB33. Los oligonucleótidos usados para ello tuvieron las secuencias siguientes:

pBINB33-1: 5'-TCG ACA GGC CTG GAT CCT TAA TTA AAC TAG TCT CGA GGA GCT CGG TAC-3 pBINB33-2: 5'-CGA GCT CCT CGA GAC TAG TTT AAT TAA GGA TCC AGG CCT G-3'

El plásmido obtenido se designó IR 47-71.

30 b) Preparación de los vectores de expresión en plantas pEPA248 y pEPA262 que comprenden secuencias de ácidos nucleicos para el gen de sacaropina deshidrogenasa de *Phytophthora infestans*.

La secuencia de sacaropina deshidrogenasa (PITG_03530: 3020 pb) se obtuvo de la base de datos ORF Prot Vi de *P. infestans*. La compañía Geneart sintetizó una región de aproximadamente 500 pb que ofrece el mejor ARNip, según el software de diseño de ARNi BLOCKit (Invitrogen).

35 Un fragmento de 300 pb se amplificó por PCR a partir del ADN de esta secuencia con los cebadores SacdhPI R (5'-agaggtaccaagcttgctgtagctgg-3') y SacdhPI F (5'-tatctcgagtctagacaacgcccattggtac-3'). El fragmento amplificado se clonó en pCR11-Topo (Invitrogen) para obtener el plásmido pEPA250. Según Wesley y col. (2001), la secuencia de interés se clonó en el vector pHannibal para dar el plásmido pEPA241. A continuación, se sub-clonó la casete de expresión de ARNdc en diferentes vectores binarios (expresión en plantas) pART27 (Gleave AP, *PMB* 20, (1992), 1203-1207) e IR 47 para dar los vectores de expresión en plantas pEPA248 y pEPA262, respectivamente.

40 Los vectores pEPA248 y pEPA262 se introdujeron, respectivamente, en células de *Agrobacterium* GV3101 y C58C1RIF (pGV2260) por electroporación (Rocha-Sosa y col.(1989)), con el objeto de transformar adicionalmente plantas de patata.

45 **Ejemplo 7: Construcción de vectores de transformación dirigidos contra el gen de sacaropina deshidrogenasa *lys1* de *Sclerotinia sclerotiorum*.**

La compañía Geneart sintetizó los 351 pb de una región de la secuencia de codificación *Lys1* de *S. sclerotiorum* (sacaropina deshidrogenasa SS1G_06166.1) (pEPA293), que estuvieron flanqueados por sitios de restricción internos (*Xba*I, *Hind*III) y externos (*Xho*I, *Kpn*I) diseñados para llevar a cabo una clonación en dos etapas en el vector pHannibal (Wesley y col., 2001). El plásmido intermedio albergó dos copias invertidas del fragmento del gen *Lys1*, espaciadas por el intrón *PdK* de pHannibal y reguladas por el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y el terminador OCS.

A continuación, se escindió toda la casete de ADN con *NotI* y se insertó en el vector binario pART27 (Gleave, 1992), dando el plásmido final pEPA307 con un casete de selección de planta basado en un gen de resistencia a la kanamicina (gen *nptII* regulado por el promotor y terminador *Nos*).

- 5 El mismo casete *NotI* se insertó también en un vector binario (pFCO31) con un marcador de selección de plantas basado en una resistencia a los inhibidores de HPPD, a utilizar en la transformación de soja. Entonces, el plásmido final puede transformar plantas con un ADN-T que comprende entre los márgenes Derecho e Izquierdo, nuestro casete de interés y un gen HPPD regulado por un promotor CsVMV, una secuencia de péptidos de tránsito de cloroplasto y un terminador 3'Nos.

10 **Ejemplo 8: Construcción de vectores de transformación dirigidos contra el gen de sacaropina deshidrogenasa *lys1* de *Phakopsora pachirizi*.**

- 15 La compañía Geneart sintetizó los 364pp de una región de la secuencia de codificación *Lys1* de *Phakopsora pachirizi* E.S.T.(sacaropina deshidrogenasa PHAPC_EH247326.1) (pCED42), que estuvieron flanqueados por sitios de restricción internos (*XbaI*, *HindIII*) y externos (*XhoI*, *KpnI*) diseñados para llevar a cabo una clonación en dos etapas en el vector pHannibal (Wesley y col., 2001). El plásmido intermedio albergó dos copias invertidas del fragmento del gen *Lys1*, espaciadas por el intrón *PdK* de pHannibal y reguladas por el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y el terminador OCS.

A continuación, se escindió toda la casete de ADN con *NotI* y se insertó en el vector binario pART27 (Gleave, 1992), dando el plásmido final pCED45 con una casete de selección vegetal basado en un gen de resistencia a la kanamicina (gen *nptII* regulado por el promotor y terminador *Nos*).

- 20 La misma casete *NotI* se insertó también en un vector binario (pFCO31) con un marcador de selección vegetal basado en una resistencia a los inhibidores de HPPD, a utilizar en la transformación de soja. Entonces, el plásmido final (pCED87) puede transformar plantas con un ADN-T que comprende entre los márgenes Derecho e Izquierdo, nuestra casete de interés y un gen HPPD regulado por un promotor CsVMV, una secuencia de péptidos de tránsito de cloroplasto y un terminador 3'Nos.

25 **Ejemplo 9: Transformación de plantas de patata con vectores de expresión en plantas que comprenden moléculas de ácido nucleico que codifican la construcción de sacaropina deshidrogenasa en horquilla pEPA262**

- 30 Se transformaron plantas de patata a través de *Agrobacterium* usando el vector de expresión en plantas pEPA262, que comprende una secuencia de ácidos nucleicos que codifican sacaropina deshidrogenasa bajo el control del promotor del gen de patatina B33 de *Solanum tuberosum* como lo describen Rocha-Sosa y col. (1989). Las plantas de patata transgénicas transformadas con el plásmido pEPA262 se designaron "537 ES". Se llevó a cabo un análisis molecular de los acontecimientos de "537 ES" empleando procedimientos convencionales de PCR (Sambrook y col.) para detectar la presencia de la secuencia de ácidos nucleicos para sacaropina deshidrogenasa, usando los cebadores siguientes SacDH PI F: 5'-TATCTCGAGTCTAGACAACGCCATTGGTTAC-3' y SacDH PI R: 5'-AGAGGTACCAAGCTTGCGTAGCTGG-3'. Se logró una selección adicional por transferencia Northern o por análisis de expresión de la secuencia de ácidos nucleicos para sacaropina deshidrogenasa a través de RT-Q PCR que condujo a una selección de eventos diferentes. Los oligonucleótidos usados para ello tuvieron las secuencias siguientes: LYS1_Pot 117-F: 5'-TCA ATA GAA GCG AAC GCG TAA A-3' y LYS1_Pot 117-R: 5'-GTT CGG GAT CTG CTC GAT GT-3'

40 **Ejemplo 10: Transformación mediada por *Agrobacterium* de *Arabidopsis thaliana*.**

El plásmido derivado de pART27 se introdujo por electroporación en *Agrobacterium tumefaciens* cepa LBA4404 (Invitrogen Electromax). Las cepas bacterianas obtenidas se usaron entonces para la infiltración por inmersión floral de las plantas de *A. thaliana* Col-0 o Wassileskija, como se describe en Clough & Bent (*PlantJ* 1998).

Ejemplo 11: Transformación mediada por *Agrobacterium* de *Glycine max*.

- 45 Los plásmidos derivados de pFCO31 se introdujeron por electroporación en *Agrobacterium tumefaciens* cepa LBA4404 (Invitrogen Electromax). Seguidamente, se usaron las cepas bacterianas obtenidas para la transformación de soja, según se describe más adelante.

- 50 Se esterilizan semillas de soja durante 24 h con gas cloro (Cl_2). Las semillas se ponen en placas Petri y se ponen en remojo en agua desionizada estéril durante 20 horas antes de la inoculación, en oscuridad, a temperatura ambiente. Un cultivo durante la noche, realizado a 28 °C y 200 rpm de agitación de *Agrobacterium tumefaciens* en 200 ml de YEP (5 g/l de extracto de levadura, 10 g/l de peptona, 5 g/l de $NaCl_2$, pH a 7,0), que contiene el antibiótico apropiado, se centrifuga a 4000 rpm, 4°C, durante 15 min. El granulado se resuspende en 40 a 50 ml de medio de infección hasta una DO 600 nm final de entre 0,6 y 1 y se conserva sobre hielo. Las semillas empapadas se diseccionan bajo condiciones de esterilidad, usando una hoja de escalpelo n.º 15 para separar los cotiledones y retirar las hojas primarias adheridas a los mismos. Cada cotiledón se guarda como explante para la inoculación. Se preparan aproximadamente 100 explantes y posteriormente se inoculan conjuntamente, durante 30 minutos en el

- inóculo de *Agrobacterium*, con agitación ocasional. Se lleva a cabo un co-cultivo en placas Petri clásicas que contienen 4 filtros de papel (Whatman ® grado 1) y 4 ml de medio de co-cultivo (1/10X sales principales B5, 1/10X sales menores B5, 2,8 mg/l de ferroso, 3,8 mg/l de NaEDTA, 30 g/l de sacarosa, 3,9 g/l de MES (pH 5,4). 1X vitaminas B5 esterilizadas por filtración, GA3 (0,25 mg/l), BAP (1,67 mg/l), Cisteína (400 mg/l), Ditiotreitól (154,2 mg/l), y acetosiringona 200 µM). Los explantes se depositan en placas de co-cultivo (9 por placa), de forma adaxial (plana) boca abajo y se sellan con una única banda vertical de cinta (Leucopore ®) y se sigue incubando durante 5 días, a 24°C, con un periodo de luz/oscuridad de 18:6. Al final del co-cultivo, los explantes se depositan (6 por placa) en Medio de Inicio de Brotes (1X sales principales B5, 1X sales menores B5, 28 mg/l de ferroso, 38 mg/l de NaEDTA, 30 g/l de sacarosa, 0,56 g/l de MES, y 8 g/l de agar (pH 5,6). 1X vitaminas B5 esterilizadas por filtración, BAP (1,67 mg/l), Timentina (50 mg/l), Cefotaxima (50 mg/l), Vancomicina (50 mg/l) y Tembotriona (0,1 mg/l)), inclinado en 45 °, con la zona nodular del cotiledón sumergida en el medio y boca arriba. La etapa de Inicio de Brotes tiene una duración de 1 mes (24°C, fotoperiodo 16/8). Después de un mes más, los explantes con brotes verdes se transfieren a Medio de Alargamiento de Brote (1X MS/medio B5 corregido con 1 mg/l de ribósido de zeatina (ZR), 0,1 mg/l de IAA, 0,5 mg/l de GA3, 3 % de sacarosa, 100 mg/l de ácido piroglutámico, 50 mg/l de asparagina, 0,56 g/l de MES, pH 5,6, solidificado con agar al 0,8 %, ticarcilina (50 mg/l), cefotaxima (50 mg/l) y vancomicina (50 mg/l)), con transferencia de medio fresco cada 2 semanas. Las plántulas que tienen una altura mayor que 2 cm se transfieren a medio de formación de raíces. Las plántulas se cortan y se depositan en medio de formación de raíces (1/2 MS sales principales, sales menores y vitaminas B5, 15 g/l de sacarosa, 1 mg/l de IBA, 8 g/l de agar Noble, pH 5,7) en un recipiente vertical de plástico de 180 ml.
- Una vez que las raíces están bien formadas y el ápice es fuerte, las plantas se depositan sobre tierra en el invernadero y se cubren con una caja de plástico verde para su aclimatación durante 5 días sobre un lecho de calentamiento a 36°C. Después de 10 de aclimatación, las plantas se transfieren a macetas grandes, sin lecho de calentamiento

Ejemplo 12: Ensayo de la roya asiática de la soja (*Phakopsora pachyrhizi*).

- En el invernadero, se cultivaron plantas de soja que expresan ARNdc dirigido contra *Phakopsora pachyrhizi* *Lys1* en macetas de 7,5 cm (28,5 °C, 50 % de humedad, 14 h de luz). En un incubador, las plantas se nebulizaron con una suspensión de conidios (50 ml a 10-15X10⁴ esporas/ml obtenidas de plantas de soja infectadas artificialmente, que actúan como fuente de inóculo, para una bandeja de dimensiones 55 X 34 X 5 cm que contiene 15 macetas). La suspensión incluye Tween 20 al 0,033 %. Para garantizar una inoculación uniforme se requiere nebulización multidireccional. A continuación, las plantas se incuban durante 4 días a aprox. 25 °C (por el día) y aprox. 20 °C (de noche) con una humedad muy alta (90 % hasta saturación). Después de este periodo, las plantas se transfieren de vuelta a condiciones normales de crecimiento. El desarrollo de la roya asiática de la soja se evalúa a intervalos regulares para analizar la cinética del desarrollo de la enfermedad y la gravedad de los síntomas. Todos los experimentos con la roya asiática de la soja se llevan a cabo en cámaras de cultivo o incubadoras con un nivel de seguridad L2, de acuerdo con los requisitos de HCB.

Ejemplo 13: Ensayo de *Sclerotinia sclerotiorum*

- En un ensayo con plantas enteras se estudió el desarrollo del aislado del hongo *S. sclerotiorum* natural 1980, así como del mutante pac 1 (Rollins, 2003). *S. sclerotiorum* se conservó a 4 °C sobre agar de patata-dextrosa (PDA, patata 200 g/l, glucosa 20 g/l, agar 18 g/l). El hongo se cultivó en una placa Petri que contuvo PDA colocando un bloque de micelios en el centro, y se mantuvo bajo condiciones estáticas a 21 °C durante 4 días. Plantas naturales y transgénicas de *Arabidopsis* de 4 días de edad se inocularon con bloques de agar-micelio de 12 mm de diámetro escindidos del borde de crecimiento activo de la colonia de hongos en el centro de la planta. Las plantas inoculadas se mantuvieron en una cámara de crecimiento a 21 °C con una humedad relativa de 100 %, bajo un fotoperiodo de 12 horas de luz, con una intensidad de luz de 34 mmol m⁻² s⁻¹ usando luces fluorescentes blancas; se analizaron cada 12 horas para vigilar el desarrollo del hongo. Los síntomas de la infección se monitorizaron por el número de hojas afectadas, así como por la longitud y ancho de las lesiones.

LISTADO DE SECUENCIAS

- <110> Bayer Intellectual Property GmbH
- <120> ARNi para el control de hongos y oomicetos por la inhibición del gen de sacaropina deshidrogenasa
- <130> BCS 11-4010
- <160> 58
- <170> PatentIn versión 3.5
- <210> 1
- <211> 1143
- <212> ADN

ES 2 628 436 T3

<213> *Aspergillus clavatus*

<220>

<221> CDS

5 <222> (1)..(1143)

<223> Lyes1

<400> 1

atg	tcg	agc	aac	aag	att	tgg	ctg	cgc	gct	gag	acc	aag	ccc	gct	gaa	48
Met	Ser	Ser	Asn	Lys	Ile	Trp	Leu	Arg	Ala	Glu	Thr	Lys	Pro	Ala	Glu	
1			5					10					15			
gcg	cgg	tct	gcc	ttg	act	cct	acc	aca	tgc	aag	gct	ctt	atg	gat	gcc	96
Ala	Arg	Ser	Ala	Leu	Thr	Pro	Thr	Thr	Cys	Lys	Ala	Leu	Met	Asp	Ala	
			20					25					30			
ggc	tac	gac	gtt	act	gtc	gag	cgt	tcc	aca	caa	cgc	atc	ttt	gat	ggt	144
Gly	Tyr	Asp	Val	Thr	Val	Glu	Arg	Ser	Thr	Gln	Arg	Ile	Phe	Asp	Gly	
		35					40					45				
gag	gat	aac	ata	ctc	tcc	tac	ctt	atc	ggc	gct	ccc	ctg	gtt	gag	gaa	192
Glu	Asp	Asn	Ile	Leu	Ser	Tyr	Leu	Ile	Gly	Ala	Pro	Leu	Val	Glu	Glu	
	50					55					60					
ggc	tca	tgg	gtc	aag	gat	gcc	ccc	aag	gac	gct	tac	gtc	ctg	ggt	ctc	240
Gly	Ser	Trp	Val	Lys	Asp	Ala	Pro	Lys	Asp	Ala	Tyr	Val	Leu	Gly	Leu	
65					70				75						80	
aag	gag	ctt	ccc	gaa	gat	gac	ttc	ccc	ctc	gag	cac	gtc	cac	atc	tct	288
Lys	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Asp	Phe	Pro	Leu	Glu	His	Val	His	Ile	Ser	
				85					90					95		
ttc	gca	cac	tgc	tac	aag	gaa	caa	ggt	ggc	tgg	gag	aag	gtt	ctt	agc	336
Phe	Ala	His	Cys	Tyr	Lys	Glu	Gln	Gly	Gly	Trp	Glu	Lys	Val	Leu	Ser	
			100					105					110			
cgg	tgg	ccc	cgt	gga	ggc	ggc	acc	ctc	ttg	gac	ttg	gag	ttc	ctc	aca	384
Arg	Trp	Pro	Arg	Gly	Gly	Gly	Thr	Leu	Leu	Asp	Leu	Glu	Phe	Leu	Thr	
		115					120						125			
gat	gat	ggt	ggt	cgc	agg	gta	gct	gct	ttc	gga	tac	tct	gct	ggt	tat	432
Asp	Asp	Val	Gly	Arg	Arg	Val	Ala	Ala	Phe	Gly	Tyr	Ser	Ala	Gly	Tyr	
		130				135						140				
gca	ggc	tct	gct	ctg	gcc	gtc	aag	aac	tgg	gcc	tgg	caa	ttg	aca	cac	480
Ala	Gly	Ser	Ala	Leu	Ala	Val	Lys	Asn	Trp	Ala	Trp	Gln	Leu	Thr	His	
					150					155					160	

10

ES 2 628 436 T3

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

ES 2 628 436 T3

Asn Arg Arg Leu Ser Val Ile Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn
 275 280 285

Pro His Asn Pro Ile Pro Val Tyr Ser Ile Thr Thr Thr Phe Asp Lys
 290 295 300

Pro Thr Val Pro Val Thr Leu Ser Ala Gly Ala Gln Gly Pro Pro Leu
 305 310 315 320

Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ser
 325 330 335

Ser Glu Met Phe Ser Glu Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Gln Leu Lys
 340 345 350

Asp Arg Lys Asn Ala Arg Val Trp Lys Gln Ala Glu Asp Leu Phe Asn
 355 360 365

Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro Glu Ser Met Arg Ala
 370 375 380

<210> 3
 <211> 1125
 <212> ADN
 <213> *Aspergillus fumigatus*

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1125)
 <223> Lys1

10

<400> 3

atg tca agc aat aag atc tgg ttg cgc gcg gaa acc aag cct gcc gag	48
Met Ser Ser Asn Lys Ile Trp Leu Arg Ala Glu Thr Lys Pro Ala Glu	
1 5 10 15	
gct cgg tct gct ttg acc cgg act acc tgc aag gcc ctt atg gat gct	96
Ala Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Cys Lys Ala Leu Met Asp Ala	
20 25 30	
ggc tac gag gtg acc gtg gaa cgt tcc aga cag cgg att ttc gac gtt	144
Gly Tyr Glu Val Thr Val Glu Arg Ser Arg Gln Arg Ile Phe Asp Val	
35 40 45	
gta cag atc ggc gcc ccc ctc gtc gag gaa ggt tca tgg gta aag gac	192
Val Gln Ile Gly Ala Pro Leu Val Glu Glu Gly Ser Trp Val Lys Asp	
50 55 60	
gca ccc aaa gat gcc tac atc ctc ggt ctg aag gag ctt ccc gag gac	240
Ala Pro Lys Asp Ala Tyr Ile Leu Gly Leu Lys Glu Leu Pro Glu Asp	
65 70 75 80	
gat ttt cgg ctt gag cac gta cac atc tcc ttt gcg cac tgc tac aag	288
Asp Phe Pro Leu Glu His Val His Ile Ser Phe Ala His Cys Tyr Lys	
85 90 95	

ES 2 628 436 T3

caa cag gct ggc tgg gag aag gtg ctc agc cgg tgg ccc cgc gga ggc Gln Gln Ala Gly Trp Glu Lys Val Leu Ser Arg Trp Pro Arg Gly Gly 100 105 110	336
ggc acc ctc ttg gac ttg gag ttc ctc aca gat gag act gga cgc cga Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Glu Thr Gly Arg Arg 115 120 125	384
gta gct gct ttt ggg tac tcc gcc ggt tac gca ggt tct gct ttg gcc Val Ala Ala Phe Gly Tyr Ser Ala Gly Tyr Ala Gly Ser Ala Leu Ala 130 135 140	432
att aag aac tgg gcc tgg caa ttg acg cat cct gag ggc gag ccg ctt Ile Lys Asn Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Pro Glu Gly Glu Pro Leu 145 150 155 160	480
cct ggc gag act ccc tac gca aac cag gat ctg ttg att gag tca gtg Pro Gly Glu Thr Pro Tyr Ala Asn Gln Asp Leu Leu Ile Glu Ser Val 165 170 175	528
aag gag tcg ttg gag tct ggc aag aag ctg tcc gcc agg ccg ccc aag Lys Glu Ser Leu Glu Ser Gly Lys Leu Ser Gly Arg Pro Pro Lys 180 185 190	576
gtg ctt gtc att gga gct ctt gga cgc tgt ggc aaa gga gcg gtt cag Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala Val Gln 195 200 205	624
ctg gcc aag gat gtc ggc att cct gag tcg gat atc atc cag tgg gat Leu Ala Lys Asp Val Gly Ile Pro Glu Ser Asp Ile Ile Gln Trp Asp 210 215 220	672
ata gaa gag acc aag aag ggt ggc ccc ttc aga gag att gtc gag gat Ile Glu Glu Thr Lys Lys Gly Gly Pro Phe Arg Glu Ile Val Glu Asp 225 230 235 240	720
gca gac att ttc atc aac tgc atc tac ctc tcc gct aag atc cct cct Ala Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Ala Lys Ile Pro Pro 245 250 255	768
ttc gtc aac acc gaa act ctg tct tct cct aac cgc cgc ttg tcc gtc Phe Val Asn Thr Glu Thr Leu Ser Ser Pro Asn Arg Arg Leu Ser Val 260 265 270	816
att tgt gac gtg agc gcc gac aca acc aat ccc aac aat cct atc cct Ile Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn Asn Pro Ile Pro 275 280 285	864
gtc tat tcc atc aca acc act ttc gac aag ccc aca gtc act gtt cct Val Tyr Ser Ile Thr Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Thr Val Pro 290 295 300	912
ctt ccg gaa ctg gcc cag ggc cct cca ttg agc gtg atc agc atc gac Leu Pro Glu Leu Ala Gln Gly Pro Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp 305 310 315 320	960
cac ctc ccc tcc ctc ctt cct cgt gaa agc tcc gag atg ttc agc gaa His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ser Ser Glu Met Phe Ser Glu 325 330 335	1008
gcc tta ctg ccg agc cta ctg caa ctc aag gat aga aag aac gct cgt Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Gln Leu Lys Asp Arg Lys Asn Ala Arg 340 345 350	1056

ES 2 628 436 T3

gtc tgg aag caa gca gag gac ttg ttc aac gaa aag gtt gct acc ttg 1104
Val Trp Lys Gln Ala Glu Asp Leu Phe Asn Glu Lys Val Ala Thr Leu
355 360 365

ccc gag tcg atg cgc gct taa 1125
Pro Glu Ser Met Arg Ala
370

5 <210> 4
<211> 374
<212> PRT
<213> *Aspergillus fumigatus*

<400> 4

ES 2 628 436 T3

Met Ser Ser Asn Lys Ile Trp Leu Arg Ala Glu Thr Lys Pro Ala Glu
1 5 10 15

Ala Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Cys Lys Ala Leu Met Asp Ala
20 25 30

Gly Tyr Glu Val Thr Val Glu Arg Ser Arg Gln Arg Ile Phe Asp Val
35 40 45

Val Gln Ile Gly Ala Pro Leu Val Glu Glu Gly Ser Trp Val Lys Asp
50 55 60

Ala Pro Lys Asp Ala Tyr Ile Leu Gly Leu Lys Glu Leu Pro Glu Asp
65 70 75 80

Asp Phe Pro Leu Glu His Val His Ile Ser Phe Ala His Cys Tyr Lys
85 90 95

Gln Gln Ala Gly Trp Glu Lys Val Leu Ser Arg Trp Pro Arg Gly Gly
100 105 110

Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Glu Thr Gly Arg Arg
115 120 125

Val Ala Ala Phe Gly Tyr Ser Ala Gly Tyr Ala Gly Ser Ala Leu Ala
130 135 140

Ile Lys Asn Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Pro Glu Gly Glu Pro Leu
145 150 155 160

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

Lys Glu Ser Leu Glu Ser Gly Lys Lys Leu Ser Gly Arg Pro Pro Lys
180 185 190

Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala Val Gln

ES 2 628 436 T3

atg tct gga act act ctt cac cta cgt tct gag ttg ggc aaa gct ctt 48
Met Ser Gly Thr Thr Leu His Leu Arg Ser Glu Leu Gly Lys Ala Leu
1 5 10 15

gag cat cga tcc gct ctt acc ccc acc acc gcc aaa gct ctc atc gat 96
Glu His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Ala Leu Ile Asp

ES 2 628 436 T3

	20	25	30	
gct gga tac aca atc aac gtt gag cgc agt cca gag cgt ata ttc gac				144
Ala Gly Tyr Thr Ile Asn Val Glu Arg Ser Pro Glu Arg Ile Phe Asp	35	40	45	
gat gaa gag ttc gag aag gtt ggt gct act ctt gtg cca gag aac aca				192
Asp Glu Glu Phe Glu Lys Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Asn Thr	50	55	60	
tgg aga caa gca cca aag gat cac att atc att ggg ttg aag gaa ctg				240
Trp Arg Gln Ala Pro Lys Asp His Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu Leu	65	70	75	80
ccc gtc gaa gaa ttt cct ctc gag cat gtt cac gta caa ttc gca cat				288
Pro Val Glu Glu Phe Pro Leu Glu His Val His Val Gln Phe Ala His	85	90	95	
tgt tat aaa caa cag ggc ggc tgg gac act gtt cta tca cga ttc cct				336
Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Asp Thr Val Leu Ser Arg Phe Pro	100	105	110	
cgt gga ggt gga act ctc tta gat ctt gag ttt ttg aca gac gac aga				384
Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Asp Arg	115	120	125	
ggc aga aga gtt gca gcc ttt gga tac cat gct gga ttt gct ggt gca				432
Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly Ala	130	135	140	
gca ttg gca ctc gaa aat tgg gcg tgg caa ctc acc cac cca gca tcc				480
Ala Leu Ala Leu Glu Asn Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Pro Ala Ser	145	150	155	160
gag ccc ttc cca agt gta tcg agc tac ccc aac gaa gat gaa ttg att				528
Glu Pro Phe Pro Ser Val Ser Ser Tyr Pro Asn Glu Asp Glu Leu Ile	165	170	175	
gtg gat gtt aag aag gca atc gca gct gga caa gag aag acc ggc aag				576
Val Asp Val Lys Lys Ala Ile Ala Ala Gly Gln Glu Lys Thr Gly Lys	180	185	190	
gca cca cga gtt ttg gtt att ggt gca tta ggc aga tgt gga agt gga				624
Ala Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly	195	200	205	
gca gtt gac ctc tgc ttg aga gct ggt gtg cca acc gaa aat gtg ttg				672
Ala Val Asp Leu Cys Leu Arg Ala Gly Val Pro Thr Glu Asn Val Leu	210	215	220	
aag tgg gat atg gcc gag acc gct aag gga ggg cca ttc cca gag atc				720
Lys Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Ile	225	230	235	240
gtt gag agt gac atc ttc atc aac tgc ata tat ctc atg tcc aag att				768
Val Glu Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Met Ser Lys Ile	245	250	255	
cca aac ttt gtc gac atg caa agc ctc gat acc cca aac cgc aaa ttg				816
Pro Asn Phe Val Asp Met Gln Ser Leu Asp Thr Pro Asn Arg Lys Leu	260	265	270	
tca gtc gtc tgc gat gtc agt gct gat acc acc aac ccc aac aac cca				864
Ser Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn Asn Pro	275	280	285	

ES 2 628 436 T3

```

att cca atc tat act gtt gca acc aca ttt tca gag cca act gtt cca      912
Ile Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Ser Glu Pro Thr Val Pro
  290                295                300

gtt gag gtc aag gga gaa cca aga tta agt gtc atc agt att gat cac      960
Val Glu Val Lys Gly Glu Pro Arg Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His
  305                310                315                320

ttg cca agt tta ttg cca aga gag gca agt gag gca ttt agc aag gac      1008
Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Lys Asp
                325                330                335

tta tta cca agt ttg ttg tct ttg aag gat tgg aga aat act cca gtc      1056
Leu Leu Pro Ser Leu Leu Ser Leu Lys Asp Trp Arg Asn Thr Pro Val
                340                345                350

tgg gcc aag gca gag aag tta ttc cag gaa aag gtt gct act ttg ccc      1104
Trp Ala Lys Ala Glu Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro
                355                360                365

aag aac gag gca tga      1119
Lys Asn Glu Ala
  370

```

<210> 6
 <211> 372
 <212> PRT
 <213> *Botrytis cinerea*

5

<400> 6

```

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

Glu His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Ala Leu Ile Asp
                20                25                30

Ala Gly Tyr Thr Ile Asn Val Glu Arg Ser Pro Glu Arg Ile Phe Asp
                35                40                45

Asp Glu Glu Phe Glu Lys Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Asn Thr
  50                55                60

Trp Arg Gln Ala Pro Lys Asp His Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu Leu
  65                70                75                80

Pro Val Glu Glu Phe Pro Leu Glu His Val His Val Gln Phe Ala His
                85                90                95

Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Asp Thr Val Leu Ser Arg Phe Pro
                100                105                110

Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Asp Arg
                115                120                125

```

10

ES 2 628 436 T3

Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly Ala
 130 135 140

Ala Leu Ala Leu Glu Asn Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Pro Ala Ser
 145 150 155 160

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

Val Asp Val Lys Lys Ala Ile Ala Ala Gly Gln Glu Lys Thr Gly Lys
 180 185 190

Ala Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly
 195 200 205

Ala Val Asp Leu Cys Leu Arg Ala Gly Val Pro Thr Glu Asn Val Leu
 210 215 220

Lys Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Ile
 225 230 235 240

Val Glu Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Met Ser Lys Ile
 245 250 255

Pro Asn Phe Val Asp Met Gln Ser Leu Asp Thr Pro Asn Arg Lys Leu
 260 265 270

Ser Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn Asn Pro
 275 280 285

Ile Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Ser Glu Pro Thr Val Pro
 290 295 300

Val Glu Val Lys Gly Glu Pro Arg Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His
 305 310 315 320

Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Lys Asp
 325 330 335

Leu Leu Pro Ser Leu Leu Ser Leu Lys Asp Trp Arg Asn Thr Pro Val
 340 345 350

Trp Ala Lys Ala Glu Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro
 355 360 365

Lys Asn Glu Ala
 370

<210> 7
<211> 1173
<212> ADN
<213> *Fusarium graminearum*

5

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1173)
<223> Lys1

10

<400> 7

ES 2 628 436 T3

atg tct caa tac ccc cac atc ctc ctg cgc gct gag gag aag ccc ctc	48
Met Ser Gln Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu	
1 5 10 15	
gag cac cga tct ttc tct ccc tca att atc aag act ctt gtc gac gct	96
Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ser Ile Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala	
20 25 30	
gga tat ccc gtc tct gtc gag cga tca tct aca gac ccc aag ttc aag	144
Gly Tyr Pro Val Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Lys	
35 40 45	
cgc atc ttt gaa gac tcc gag tat gag gct gct ggt gcg cgc ctc gtc	192
Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val	
50 55 60	
aac gag ggc acc tgg ccc aac gcc gaa gcc gga act ttg att ctg ggc	240
Asn Glu Gly Thr Trp Pro Asn Ala Glu Ala Gly Thr Leu Ile Leu Gly	
65 70 75 80	
ctc aag gag att ccc gag gaa gac ttt cct ctc aag aac gac cac att	288
Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile	
85 90 95	
tca ttt gcc cat tgt tac aag aac caa ggt gga tgg gaa aag gtc ctc	336
Ser Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu	
100 105 110	
ggc cgc ttc cct caa gga agc agc gtt cta tac gat ttg gag ttc ctt	384
Gly Arg Phe Pro Gln Gly Ser Ser Val Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu	
115 120 125	
gtc gat gag caa gga cgc cga gtt tct gct ttc ggt ttc cac gct gga	432
Val Asp Glu Gln Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Phe His Ala Gly	
130 135 140	
ttc gct ggc gct gcc ctc ggt atc aag act ctt gcc cac cag ctt cag	480
Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ala His Gln Leu Gln	
145 150 155 160	
gac ccc tcc tcc aag ctc ccc tca gtg gag aca ttc acc gat ggt cgt	528
Asp Pro Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg	
165 170 175	
gga tac tac cta aac gag gag gag ctc gtt aac cag atc cga gaa gac	576
Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Glu Glu Leu Val Asn Gln Ile Arg Glu Asp	
180 185 190	
ctt gcc aag gcc gag aag tct ctt gga cgc aag ccc act gct ctc gtc	624
Leu Ala Lys Ala Glu Lys Ser Leu Gly Arg Lys Pro Thr Ala Leu Val	
195 200 205	
ctc ggt gct ctt gga cga tgt ggt aag ggt gcc gtt gac ctg ttc ctc	672
Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala Val Asp Leu Phe Leu	

ES 2 628 436 T3

210	215	220	
aag gct ggc atg ccc gac gag aac atc acc cgc tgg gac ttg aac gag			720
Lys Ala Gly Met Pro Asp Glu Asn Ile Thr Arg Trp Asp Leu Asn Glu			
225	230	235	240
acc aag gac cga gat ggt cct tat gag gag att gcc cag gcc gat gtc			768
Thr Lys Asp Arg Asp Gly Pro Tyr Glu Glu Ile Ala Gln Ala Asp Val			
	245	250	255
ttc ctt aac gcc atc tac ctt tcc aag ccc atc cct cct ttc atc aac			816
Phe Leu Asn Ala Ile Tyr Leu Ser Lys Pro Ile Pro Pro Phe Ile Asn			
	260	265	270
gag gag ctt ctc gcc aag tct ggc cgc aac ttg gct gtt gtt atc gat			864
Glu Glu Leu Leu Ala Lys Ser Gly Arg Asn Leu Ala Val Val Ile Asp			
	275	280	285
gtc tcc tgc gac acc acc aac cct cac aac ccc atc ccc atc tac tct			912
Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Ser			
	290	295	300
atc aac acc aca ttc gag gag ccc acc gtc ccc gtc gag atc aag aac			960
Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Pro Thr Val Pro Val Glu Ile Lys Asn			
	305	310	315
gac cag aac tct ctc cct cta tca gtt att agc atc gac cat ctc ccc			1008
Asp Gln Asn Ser Leu Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro			
	325	330	335
tca atg ctg ccc cgt gag gct agt gag gcc ttt agc gag ggc ctc aag			1056
Ser Met Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Glu Gly Leu Lys			
	340	345	350
gag tct ctc ctt aca ctc aag gac cgc aag act tcg cga gtg tgg gcc			1104
Glu Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Arg Lys Thr Ser Arg Val Trp Ala			
	355	360	365
gac gcc gag aag ctc ttc aac gag aag gtt gct ctg ctt ccc gag tcc			1152
Asp Ala Glu Lys Leu Phe Asn Glu Lys Val Ala Leu Leu Pro Glu Ser			
	370	375	380
ctg cga acc aag aga gtt taa			1173
Leu Arg Thr Lys Arg Val			
	385	390	

<210> 8
 <211> 390
 <212> PRT
 <213> *Fusarium graminearum*

5

<400> 8

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

10

ES 2 628 436 T3

Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val
50 55 60

Asn Glu Gly Thr Trp Pro Asn Ala Glu Ala Gly Thr Leu Ile Leu Gly
65 70 75 80

Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile
85 90 95

Ser Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu
100 105 110

Gly Arg Phe Pro Gln Gly Ser Ser Val Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
115 120 125

Val Asp Glu Gln Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Phe His Ala Gly
130 135 140

Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ala His Gln Leu Gln
145 150 155 160

Asp Pro Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg
165 170 175

Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Glu Glu Leu Val Asn Gln Ile Arg Glu Asp
180 185 190

Leu Ala Lys Ala Glu Lys Ser Leu Gly Arg Lys Pro Thr Ala Leu Val
195 200 205

Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala Val Asp Leu Phe Leu
210 215 220

Lys Ala Gly Met Pro Asp Glu Asn Ile Thr Arg Trp Asp Leu Asn Glu
225 230 235 240

Thr Lys Asp Arg Asp Gly Pro Tyr Glu Glu Ile Ala Gln Ala Asp Val
245 250 255

Phe Leu Asn Ala Ile Tyr Leu Ser Lys Pro Ile Pro Pro Phe Ile Asn
260 265 270

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

Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Ser
290 295 300

ES 2 628 436 T3

Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Pro Thr Val Pro Val Glu Ile Lys Asn
 305 310 315 320

Asp Gln Asn Ser Leu Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro
 325 330 335

Ser Met Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Glu Gly Leu Lys
 340 345 350

Glu Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Arg Lys Thr Ser Arg Val Trp Ala
 355 360 365

Asp Ala Glu Lys Leu Phe Asn Glu Lys Val Ala Leu Leu Pro Glu Ser
 370 375 380

Leu Arg Thr Lys Arg Val
 385 390

5 <210> 9
 <211> 591
 <212> ADN
 <213> *Fusarium oxysporum*

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(591)
 <223> Lys1

<400> 9

ES 2 628 436 T3

```

atg tct gaa tat ccc cac atc cta ctt cgc gct gag gag aag cct ctc      48
Met Ser Glu Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu
1          5          10          15

gag cac cga tct ttc tcc ccc gcc gtt atc aag aca ctc gtc gat gct      96
Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ala Val Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala
          20          25          30

gga tac ccc att tcc gtc gag cga tcg tcc aca gac ccc aag ttt aag      144
Gly Tyr Pro Ile Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Lys
          35          40          45

cgt atc ttt gag gac tca gag tat gag gct gct gcc gct cgt ctt gtc      192
Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val
          50          55          60

gat acg ggt gtc tgg ccc aac gct gag cct ggg aca atc atc ctg ggg      240
Asp Thr Gly Val Trp Pro Asn Ala Glu Pro Gly Thr Ile Ile Leu Gly
65          70          75          80

ctg aag gag ata ccc gag gag gac ttc ccc ctc aag aat gac cac atc      288
Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile
          85          90          95

aca ttc gct cac tgc tac aag aat caa ggg ggc tgg gag aag gta ctc      336
Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu
          100          105          110

ggt cgc tgg gca caa ggc ggc tca gtt ttg tat gac ttg gag ttc ttg      384
          115          120          125

Gly Arg Trp Ala Gln Gly Gly Ser Val Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
          115          120          125

cac gat tct gaa ggt cgt cgg gtt tcg gcc ttc ggt ttc cac gct ggt      432
His Asp Ser Glu Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Phe His Ala Gly
130          135          140

ttt gca gga gct gcg ctc gga att aag acg ctt gct cac cag ctg cag      480
Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ala His Gln Leu Gln
145          150          155          160

gac tcg tct tct aag ctc cct tca gtc gag aca ttc acc gat ggc cgc      528
Asp Ser Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg
          165          170          175

gga tac tac ctg aac gag gat gag ctc gtc aac cca gat tcg cga gga      576
Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Asp Glu Leu Val Asn Pro Asp Ser Arg Gly
          180          185          190

tct cac caa ggc tga
Ser His Gln Gly
          195

```

<210> 10
 <211> 196
 <212> PRT
 <213> *Fusarium oxysporum*

5

<400> 10

ES 2 628 436 T3

Met Ser Glu Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu
 1 5 10 15

Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ala Val Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala
 20 25 30

Gly Tyr Pro Ile Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Lys
 35 40 45

Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val
 50 55 60

Asp Thr Gly Val Trp Pro Asn Ala Glu Pro Gly Thr Ile Ile Leu Gly
 65 70 75 80

Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile
 85 90 95

Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu
 100 105 110

Gly Arg Trp Ala Gln Gly Gly Ser Val Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
 115 120 125

His Asp Ser Glu Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Phe His Ala Gly
 130 135 140

Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ala His Gln Leu Gln
 145 150 155 160

Asp Ser Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg
 165 170 175

Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Asp Glu Leu Val Asn Pro Asp Ser Arg Gly
 180 185 190

Ser His Gln Gly
 195

<210> 11
 <211> 1104
 5 <212> ADN
 <213> *Fusarium verticillioides*

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1104)
 <223> Lys1

ES 2 628 436 T3

<400> 11

atg tcg cct gtc gtc att cat ctc cgg acc gag aca aag cct cta gag	48
Met Ser Pro Val Val Ile His Leu Arg Thr Glu Thr Lys Pro Leu Glu	
1 5 10 15	
cgf cgc tct cca ttg tca cct gcg act gct aag gct ttg ctc ggc gct	96
Arg Arg Ser Pro Leu Ser Pro Ala Thr Ala Lys Ala Leu Leu Gly Ala	
20 25 30	
ggc tac aca gtt cga gtt gag gaa tcc ccg gac cgc att tac aag att	144
Gly Tyr Thr Val Arg Val Glu Glu Ser Pro Asp Arg Ile Tyr Lys Ile	
35 40 45	
gac gag ttc aga gat gtt ggg gct gaa atc gta ccc gct ggc tcg tgg	192
Asp Glu Phe Arg Asp Val Gly Ala Glu Ile Val Pro Ala Gly Ser Trp	
50 55 60	
gtg aat gca ccc aag gag gat att atc ctg gga ttg aag gag att gag	240
Val Asn Ala Pro Lys Glu Asp Ile Ile Leu Gly Leu Lys Glu Ile Glu	
65 70 75 80	
gcg aat ggt aca ccg tta ctt cac acc tac att cac ttt gct cat gta	288
Ala Asn Gly Thr Pro Leu Leu His Thr Tyr Ile His Phe Ala His Val	
85 90 95	
ttc aag aag caa agc ggc tgg gct act gag ctg tcc cgc ttc gca aac	336
Phe Lys Lys Gln Ser Gly Trp Ala Thr Glu Leu Ser Arg Phe Ala Asn	
100 105 110	
gcg ggt ggc tta cta tat gac ttg gaa ttt ctt acg gac caa gat gga	384
Ala Gly Gly Leu Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Gln Asp Gly	
115 120 125	
cgc cgg gta gct gca ttc gga tat tgg gcg gga tat gcc ggg acc gct	432
Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr Trp Ala Gly Tyr Ala Gly Thr Ala	
130 135 140	

ES 2 628 436 T3

ctg gca ctc ctg tct tgg gct cac cag ctg ctc aac cct ggc gta ccc Leu Ala Leu Leu Ser Trp Ala His Gln Leu Leu Asn Pro Gly Val Pro 145 150 155 160	480
caa gga ccg gtt ccc gtc ttc gac tct gcc tct gct ttg act gaa ctt Gln Gly Pro Val Pro Val Phe Asp Ser Ala Ser Ala Leu Thr Glu Leu 165 170 175	528
gtc aag ggt aaa gtc gac gct gca cgc tcc gcc aac cac ggc gcg ctc Val Lys Gly Lys Val Asp Ala Ala Arg Ser Ala Asn His Gly Ala Leu 180 185 190	576
cct cga ctg atc gta atc ggt gcc ctg ggc cgc tgc ggc aaa ggt gcc Pro Arg Leu Ile Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala 195 200 205	624
atc gca gca gct gag gcc att ggt gtt agt gac att ctg aaa tgg gac Ile Ala Ala Ala Glu Ala Ile Gly Val Ser Asp Ile Leu Lys Trp Asp 210 215 220	672
att gct gag acg agc aag ggt ggc cca ttt cct gaa gtc gcc tcg tct Ile Ala Glu Thr Ser Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Val Ala Ser Ser 225 230 235 240	720
gat att ttt gtg aac tgc gtc tac cta ggt tcc aac aag att cca ccc Asp Ile Phe Val Asn Cys Val Tyr Leu Gly Ser Asn Lys Ile Pro Pro 245 250 255	768
ttc aca act ttt gaa gca ctc tca gga ccc ggc aga cga ctc cgg gtc Phe Thr Thr Phe Glu Ala Leu Ser Gly Pro Gly Arg Arg Leu Arg Val 260 265 270	816
att tgc gac gtc agt tgc gac ccc aac agc gag aat aac cct gtt ccc Ile Cys Asp Val Ser Cys Asp Pro Asn Ser Glu Asn Asn Pro Val Pro 275 280 285	864
gtc tac tcc agc tac agt tcg ttc gaa aac ccg act gtc cct gct tct Val Tyr Ser Ser Tyr Ser Ser Phe Glu Asn Pro Thr Val Pro Ala Ser 290 295 300	912
gag cat att gat ggt cct gaa ctg cgc atc att gct atc gat cat ctt Glu His Ile Asp Gly Pro Glu Leu Arg Ile Ile Ala Ile Asp His Leu 305 310 315 320	960
cct acc atg gtt gca cgc gag tcg agt gac gag tat tcc tca cta ctt Pro Thr Met Val Ala Arg Glu Ser Ser Asp Glu Tyr Ser Ser Leu Leu 325 330 335	1008
ctg cca agt ttg ttg act ctg gac cgc cgg gat act gag ggg gtt tgg Leu Pro Ser Leu Leu Thr Leu Asp Arg Arg Asp Thr Glu Gly Val Trp 340 345 350	1056
cag cga gca gaa cgg atc ttt cgc gag aag gtt gca gag ctg ccc tag Gln Arg Ala Glu Arg Ile Phe Arg Glu Lys Val Ala Glu Leu Pro 355 360 365	1104

<210> 12
 <211> 367
 <212> PRT
 <213> *Fusarium verticillioides*
 <400> 12

5

ES 2 628 436 T3

Met Ser Pro Val Val Ile His Leu Arg Thr Glu Thr Lys Pro Leu Glu
1 5 10 15

Arg Arg Ser Pro Leu Ser Pro Ala Thr Ala Lys Ala Leu Leu Gly Ala
20 25 30

Gly Tyr Thr Val Arg Val Glu Glu Ser Pro Asp Arg Ile Tyr Lys Ile
35 40 45

Asp Glu Phe Arg Asp Val Gly Ala Glu Ile Val Pro Ala Gly Ser Trp
50 55 60

Val Asn Ala Pro Lys Glu Asp Ile Ile Leu Gly Leu Lys Glu Ile Glu
65 70 75 80

Ala Asn Gly Thr Pro Leu Leu His Thr Tyr Ile His Phe Ala His Val
85 90 95

Phe Lys Lys Gln Ser Gly Trp Ala Thr Glu Leu Ser Arg Phe Ala Asn
100 105 110

Ala Gly Gly Leu Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Gln Asp Gly
115 120 125

Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr Trp Ala Gly Tyr Ala Gly Thr Ala
130 135 140

Leu Ala Leu Leu Ser Trp Ala His Gln Leu Leu Asn Pro Gly Val Pro
145 150 155 160

Gln Gly Pro Val Pro Val Phe Asp Ser Ala Ser Ala Leu Thr Glu Leu
165 170 175

Val Lys Gly Lys Val Asp Ala Ala Arg Ser Ala Asn His Gly Ala Leu
180 185 190

Pro Arg Leu Ile Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala
195 200 205

Ile Ala Ala Ala Glu Ala Ile Gly Val Ser Asp Ile Leu Lys Trp Asp
210 215 220

Ile Ala Glu Thr Ser Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Val Ala Ser Ser
225 230 235 240

Asp Ile Phe Val Asn Cys Val Tyr Leu Gly Ser Asn Lys Ile Pro Pro
245 250 255

Phe Thr Thr Phe Glu Ala Leu Ser Gly Pro Gly Arg Arg Leu Arg Val

ES 2 628 436 T3

atg tct gaa tat cct cac atc ctt ctt cgc gcc gag gag aag cct ctc	48
Met Ser Glu Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu	
1 5 10 15	
gag cac cga tct ttc tcc ccc gcg gtt atc aag aca ctc gtc gat gct	96
Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ala Val Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala	
20 25 30	
gga tac ccc atc tcc gtc gag cgg tca tcc acc gat ccc aaa ttt agg	144
Gly Tyr Pro Ile Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Arg	
35 40 45	
cgt atc ttt gag gac tct gaa tat gaa gct gct ggt gct cgt ctt gtc	192
Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val	
50 55 60	
gac acg ggt gtc tgg ccc aac gct gag cct ggg aca atc ata ctc gga	240
Asp Thr Gly Val Trp Pro Asn Ala Glu Pro Gly Thr Ile Ile Leu Gly	
65 70 75 80	
ttg aag gag att ccc gag gag gat ttc cct ctg aag aat gat cac atc	288
Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile	
85 90 95	
aca ttt gca cac tgc tac aaa aac cag gga ggc tgg gag aag gtt ctc	336
Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu	

ES 2 628 436 T3

100					105					110						
ggt	cgt	tgg	tct	cgc	ggc	ggg	tct	act	ctg	tat	gac	ttg	gag	ttt	ttg	384
Gly	Arg	Trp	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Thr	Leu	Tyr	Asp	Leu	Glu	Phe	Leu	
		115					120					125				
cat	gac	gct	gaa	ggc	cga	cgt	gtt	tct	gcg	ttt	ggt	ttc	cac	gca	ggc	432
His	Asp	Ala	Glu	Gly	Arg	Arg	Val	Ser	Ala	Phe	Gly	Phe	His	Ala	Gly	
		130					135				140					
ttc	gcc	ggg	gct	gcg	ctt	gga	ata	aag	aca	ctt	tcc	cac	cag	ctg	cag	480
Phe	Ala	Gly	Ala	Ala	Leu	Gly	Ile	Lys	Thr	Leu	Ser	His	Gln	Leu	Gln	
		145				150				155					160	
gac	ccg	tca	tct	aag	ctt	ccg	tct	gtc	gag	aca	ttc	acc	gat	ggc	cgc	528
Asp	Pro	Ser	Ser	Lys	Leu	Pro	Ser	Val	Glu	Thr	Phe	Thr	Asp	Gly	Arg	
				165					170						175	
gga	tat	tac	ctg	aac	gaa	gat	gag	ctc	gtc	aac	cag	att	cgc	gag	gat	576
Gly	Tyr	Tyr	Leu	Asn	Glu	Asp	Glu	Leu	Val	Asn	Gln	Ile	Arg	Glu	Asp	
			180					185					190			
ctc	gcc	aag	gct	gag	aag	gct	ctc	gga	cgc	aag	ccc	act	gct	ctc	gtc	624
Leu	Ala	Lys	Ala	Glu	Lys	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Pro	Thr	Ala	Leu	Val	
		195					200					205				
ctt	ggt	gct	ctt	gga	cga	tgt	ggc	aag	ggt	gct	gtg	gac	ctt	ttc	ctc	672
Leu	Gly	Ala	Leu	Gly	Arg	Cys	Gly	Lys	Gly	Ala	Val	Asp	Leu	Phe	Leu	
		210				215					220					
aag	gcc	ggc	atg	cct	gat	gag	aac	atc	acc	cgt	tgg	gac	ttg	aac	gaa	720
Lys	Ala	Gly	Met	Pro	Asp	Glu	Asn	Ile	Thr	Arg	Trp	Asp	Leu	Asn	Glu	
		225			230					235					240	
acc	aag	gac	cgt	gat	gga	cct	tac	gag	gaa	att	gcg	aag	gct	gat	gtc	768
Thr	Lys	Asp	Arg	Asp	Gly	Pro	Tyr	Glu	Glu	Ile	Ala	Lys	Ala	Asp	Val	
				245					250					255		
ttc	ctt	aac	gcc	atc	tac	ctc	tcc	aag	ccc	atc	ccc	cct	ttc	atc	aac	816
Phe	Leu	Asn	Ala	Ile	Tyr	Leu	Ser	Lys	Pro	Ile	Pro	Pro	Phe	Ile	Asn	
			260					265					270			
caa	gaa	ctc	ctc	gcc	aag	aag	ggt	cgc	aac	ctc	gct	gta	gtc	atc	gac	864
Gln	Glu	Leu	Leu	Ala	Lys	Lys	Gly	Arg	Asn	Leu	Ala	Val	Val	Ile	Asp	
		275					280					285				
gtt	tct	tgt	gat	acc	aca	aac	ccc	cac	aac	ccc	atc	ccc	atc	tac	tcc	912
Val	Ser	Cys	Asp	Thr	Thr	Asn	Pro	His	Asn	Pro	Ile	Pro	Ile	Tyr	Ser	
		290				295					300					
atc	aac	acc	acc	ttc	gag	gac	ccc	acc	gtc	ccc	gtc	gag	atc	aag	gac	960
Ile	Asn	Thr	Thr	Phe	Glu	Asp	Pro	Thr	Val	Pro	Val	Glu	Ile	Lys	Asp	
		305			310					315					320	
gac	cag	aac	aac	ctc	ccc	ctt	tcc	gtc	atc	agc	atc	gac	cac	ctt	ccc	1008
Asp	Gln	Asn	Asn	Leu	Pro	Leu	Ser	Val	Ile	Ser	Ile	Asp	His	Leu	Pro	
				325					330					335		
tcc	atg	ctt	ccc	cgc	gag	gct	agt	gag	gcc	ttt	agt	gag	ggt	ctc	aag	1056
Ser	Met	Leu	Pro	Arg	Glu	Ala	Ser	Glu	Ala	Phe	Ser	Glu	Gly	Leu	Lys	
			340					345					350			
gag	tct	ctg	ctt	aca	ctc	aag	gat	cgc	aaa	act	tcg	cgg	gtg	tgg	gct	1104
Glu	Ser	Leu	Leu	Thr	Leu	Lys	Asp	Arg	Lys	Thr	Ser	Arg	Val	Trp	Ala	
		355					360					365				

ES 2 628 436 T3

gat gct gag aag ctc ttc cat gag aag gtt gct acg ttg ccg gag gag 1152
 Asp Ala Glu Lys Leu Phe His Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro Glu Glu
 370 375 380

ttg aga acc aag aac gtt taa 1173
 Leu Arg Thr Lys Asn Val
 385 390

<210> 14
 <211> 390
 <212> PRT
 <213> *Fusarium verticillioides*

5

<400> 14

Met Ser Glu Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu
 1 5 10 15

Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ala Val Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala
 20 25 30

Gly Tyr Pro Ile Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Arg
 35 40 45

Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val
 50 55 60

Asp Thr Gly Val Trp Pro Asn Ala Glu Pro Gly Thr Ile Ile Leu Gly
 65 70 75 80

Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile
 85 90 95

Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu
 100 105 110

Gly Arg Trp Ser Arg Gly Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
 115 120 125

His Asp Ala Glu Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Phe His Ala Gly
 130 135 140

Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ser His Gln Leu Gln
 145 150 155 160

Asp Pro Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg
 165 170 175

Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Asp Glu Leu Val Asn Gln Ile Arg Glu Asp
 180 185 190

10

ES 2 628 436 T3

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

<210> 15
 <211> 1223
 <212> ADN
 <213> *Mycosphaerella fijiensis*

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (3)..(1223)
 <223> Lys1

10

<400> 15

ES 2 628 436 T3

ga agg tca aca ctt aaa aaa gac tca tat tcc gcg tcg act ata atc 47
 Arg Ser Thr Leu Lys Lys Asp Ser Tyr Ser Ala Ser Thr Ile Ile
 1 5 10 15

gta caa gat cag tgt ctc aca atg tcg cct aca gtc ctt cat ttc aga 95
 Val Gln Asp Gln Cys Leu Thr Met Ser Pro Thr Val Leu His Phe Arg
 20 25 30

gca gag acc aag cca tta gag cat cgc tcg gca gtc aca ccg aca atc 143
 Ala Glu Thr Lys Pro Leu Glu His Arg Ser Ala Val Thr Pro Thr Ile
 35 40 45

gca aag aaa ctt gtc gaa gct ggc tat gaa gtc cac gtc gaa cga tcg 191
 Ala Lys Lys Leu Val Glu Ala Gly Tyr Glu Val His Val Glu Arg Ser
 50 55 60

cag ctc agc ata ttc gca gac tcc gag tat gaa ggc act ggt gct aag 239
 Gln Leu Ser Ile Phe Ala Asp Ser Glu Tyr Glu Gly Thr Gly Ala Lys
 65 70 75

cta gtg cct act gga tcg tgg aca gag gca ccg aag gag cac att gtc 287
 Leu Val Pro Thr Gly Ser Trp Thr Glu Ala Pro Lys Glu His Ile Val
 80 85 90 95

att ggc ttg aag gaa ctc ccc gag gag gac ttt cct ttg aag cat gtt 335
 Ile Gly Leu Lys Glu Leu Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys His Val
 100 105 110

cat gtg caa ttt gct cac tgc tac aaa gga caa ggt ggc tgg gac aag 383
 His Val Gln Phe Ala His Cys Tyr Lys Gly Gln Gly Trp Asp Lys
 115 120 125

gtt ctc agt aga ttt cca aac ggc aga ggc aca tta ctt gac ctt gaa 431
 Val Leu Ser Arg Phe Pro Asn Gly Arg Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu
 130 135 140

ttc ttg gaa gat gag caa gga cga aga gtc gct gca ttt ggc tac cat 479
 Phe Leu Glu Asp Glu Gln Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His
 145 150 155

gcc gga ttt gct ggt gcc gca ctt gct ctc atg gcc tgg tct cac cag 527
 Ala Gly Phe Ala Gly Ala Ala Leu Ala Leu Met Ala Trp Ser His Gln
 160 165 170 175

ctc gtg cac ggc aag gac agc cct ctt ccg gga gtg aca cca tac gaa 575
 Leu Val His Gly Lys Asp Ser Pro Leu Pro Gly Val Thr Pro Tyr Glu
 180 185 190

aac gaa ggt ctc ctt att tcc gat gtc aag aag gcc atc gaa gct ggc 623
 Asn Glu Gly Leu Leu Ile Ser Asp Val Lys Lys Ala Ile Glu Ala Gly
 195 200 205

aag gcc aag ggc ggt tgc ctc cca aga gtg ctc gtt att ggc gga ctc 671
 Lys Ala Lys Gly Gly Cys Leu Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Gly Leu
 210 215 220

ggc aga tgc ggt cgt ggt gcc gtt gac ctc tgt gtc aag gct ggc gtg 719
 Gly Arg Cys Gly Arg Gly Ala Val Asp Leu Cys Val Lys Ala Gly Val
 225 230 235

gaa gac att cta aag tgg gat ctt cca gaa aca agt gcc aaa cca gga 767
 Glu Asp Ile Leu Lys Trp Asp Leu Pro Glu Thr Ser Ala Lys Pro Gly
 240 245 250 255

cca tac cag gag atc atc gag tct gac gtg ttt gtc aac tgc atc tac 815
 Pro Tyr Gln Glu Ile Ile Glu Ser Asp Val Phe Val Asn Cys Ile Tyr

ES 2 628 436 T3

260	265	270	
ttg tcg gcc aag atc ccg ccc ttc atc gac cag gca tct ctc gca tcg			863
Leu Ser Ala Lys Ile Pro Pro Phe Ile Asp Gln Ala Ser Leu Ala Ser			
275	280	285	
cca aac cgc aaa ctg tct gtg gtc tgt gat gta tcc tgc gat acc acg			911
Pro Asn Arg Lys Leu Ser Val Val Cys Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr			
290	295	300	
aac cca aac aat cct atc cca atc tac gac atc aac acg act ttc gac			959
Asn Pro Asn Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Ile Asn Thr Thr Phe Asp			
305	310	315	
aag cca acg gtg cct gtc aag ctc tcc gct gag gcc aat gat ctt ccg			1007
Lys Pro Thr Val Pro Val Lys Leu Ser Ala Glu Ala Asn Asp Leu Pro			
320	325	330	335
ttg agc gta atc agt atc gac cat ctc cca tcc tta ctg ccg cga gaa			1055
Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu			
340	345	350	
gct tcc gaa gct ttc agc tcc gcg ctg ctg ccc agc ttg ctt caa ttg			1103
Ala Ser Glu Ala Phe Ser Ser Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Gln Leu			
355	360	365	
aac gac tgg aag aac gca cgt gtt tgg caa caa gcc gag aag ctg ttc			1151
Asn Asp Trp Lys Asn Ala Arg Val Trp Gln Gln Ala Glu Lys Leu Phe			
370	375	380	
aag gac aaa tgc gcc act ctc cca gaa ggc gca atc gat agc cat gcc			1199
Lys Asp Lys Cys Ala Thr Leu Pro Glu Gly Ala Ile Asp Ser His Ala			
385	390	395	
gag ctt ctt gct tcg caa tct tga			1223
Glu Leu Leu Ala Ser Gln Ser			
400	405		

<210> 16
 <211> 406
 <212> PRT
 <213> *Mycosphaerella fijiensis*
 <400> 16

5

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

10

ES 2 628 436 T3

Val Pro Thr Gly Ser Trp Thr Glu Ala Pro Lys Glu His Ile Val Ile
85 90 95

Gly Leu Lys Glu Leu Pro Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys His Val His
100 105 110

Val Gln Phe Ala His Cys Tyr Lys Gly Gln Gly Gly Trp Asp Lys Val
115 120 125

Leu Ser Arg Phe Pro Asn Gly Arg Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe
130 135 140

Leu Glu Asp Glu Gln Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala
145 150 155 160

Gly Phe Ala Gly Ala Ala Leu Ala Leu Met Ala Trp Ser His Gln Leu
165 170 175

Val His Gly Lys Asp Ser Pro Leu Pro Gly Val Thr Pro Tyr Glu Asn
180 185 190

Glu Gly Leu Leu Ile Ser Asp Val Lys Lys Ala Ile Glu Ala Gly Lys
195 200 205

Ala Lys Gly Gly Cys Leu Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Gly Leu Gly
210 215 220

Arg Cys Gly Arg Gly Ala Val Asp Leu Cys Val Lys Ala Gly Val Glu
225 230 235 240

Asp Ile Leu Lys Trp Asp Leu Pro Glu Thr Ser Ala Lys Pro Gly Pro
245 250 255

Tyr Gln Glu Ile Ile Glu Ser Asp Val Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu
260 265 270

Ser Ala Lys Ile Pro Pro Phe Ile Asp Gln Ala Ser Leu Ala Ser Pro
275 280 285

Asn Arg Lys Leu Ser Val Val Cys Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn
290 295 300

Pro Asn Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Ile Asn Thr Thr Phe Asp Lys
305 310 315 320

Pro Thr Val Pro Val Lys Leu Ser Ala Glu Ala Asn Asp Leu Pro Leu
325 330 335

ES 2 628 436 T3

Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala
 340 345 350

Ser Glu Ala Phe Ser Ser Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Gln Leu Asn
 355 360 365

Asp Trp Lys Asn Ala Arg Val Trp Gln Gln Ala Glu Lys Leu Phe Lys
 370 375 380

Asp Lys Cys Ala Thr Leu Pro Glu Gly Ala Ile Asp Ser His Ala Glu
 385 390 395 400

Leu Leu Ala Ser Gln Ser
 405

<210> 17
 <211> 1098
 <212> ADN
 <213> *Magnaporthe grisea*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1098)
 <223> Lys1

<400> 17

atg tcg tcc att ctg cac ttg cgg tca gag acc aag cca ttg gag cac	48
Met Ser Ser Ile Leu His Leu Arg Ser Glu Thr Lys Pro Leu Glu His	
1 5 10 15	
cgg tcc gcc cta act ccc act acc acc aag gcc ttg att gag gcc ggt	96
Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Thr Lys Ala Leu Ile Glu Ala Gly	
20 25 30	
tac acc gtc aat gtc gag cgc agt ccc gtc cgc atc ttc gac gac gcc	144
Tyr Thr Val Asn Val Glu Arg Ser Pro Val Arg Ile Phe Asp Asp Ala	
35 40 45	
gag ttc gag gct gtt ggc gca acc ctc gtc ccc gag ggc agc tgg gag	192
Glu Phe Glu Ala Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Gly Ser Trp Glu	
50 55 60	
cag att ccc aag gac cac atc gtc att gga ctg aag gag ttg gag gag	240
Gln Ile Pro Lys Asp His Ile Val Ile Gly Leu Lys Glu Leu Glu Glu	
65 70 75 80	
aag gac ttc cct ttg aag cac aca cac atc cag ttc gcc cac tgc tac	288
Lys Asp Phe Pro Leu Lys His Thr His Ile Gln Phe Ala His Cys Tyr	
85 90 95	
aag aac caa gga ggc tgg gac aag gtc ctc cgg agg tat cac gat gcc	336
Lys Asn Gln Gly Gly Trp Asp Lys Val Leu Arg Arg Tyr His Asp Gly	
100 105 110	
gag gga atg ctc ctc gac att gag ttc ctc gag aag gac ggc cgt cgt	384
Glu Gly Met Leu Leu Asp Ile Glu Phe Leu Glu Lys Asp Gly Arg Arg	
115 120 125	
gtt gct gct ttc ggc tac tgg gcc gcc ttt gcc ggt gcc gcg ctg gcc	432

5

10

15

ES 2 628 436 T3

Met Ser Ser Ile Leu His Leu Arg Ser Glu Thr Lys Pro Leu Glu His
 1 5 10 15

Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Thr Lys Ala Leu Ile Glu Ala Gly
 20 25 30

Tyr Thr Val Asn Val Glu Arg Ser Pro Val Arg Ile Phe Asp Asp Ala
 35 40 45

Glu Phe Glu Ala Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Gly Ser Trp Glu
 50 55 60

Gln Ile Pro Lys Asp His Ile Val Ile Gly Leu Lys Glu Leu Glu Glu
 65 70 75 80

Lys Asp Phe Pro Leu Lys His Thr His Ile Gln Phe Ala His Cys Tyr
 85 90 95

Lys Asn Gln Gly Gly Trp Asp Lys Val Leu Arg Arg Tyr His Asp Gly
 100 105 110

Glu Gly Met Leu Leu Asp Ile Glu Phe Leu Glu Lys Asp Gly Arg Arg
 115 120 125

Val Ala Ala Phe Gly Tyr Trp Ala Gly Phe Ala Gly Ala Ala Leu Ala
 130 135 140

Leu Gln Asn Trp Ala Trp Gln Leu Thr Asn Ser Gly Glu Pro Leu Pro
 145 150 155 160

Ser Val Glu Ser Arg Pro Asn Glu Ala Ala Leu Val Gly Asp Ile Lys
 165 170 175

Glu Ala Leu Ala Gly Gly Lys Glu Lys Ala Gly Arg Leu Pro Arg Val
 180 185 190

Ile Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg Gly Ala Val Asp Met
 195 200 205

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

Glu Glu Thr Ala Pro Gly Gly Pro Phe Lys Glu Ile Val Glu Ser Asp
 225 230 235 240

Ile Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Asn Lys Gln Ile Pro Pro Phe Val
 245 250 255

ES 2 628 436 T3

Thr Met Glu Ser Leu Asn Thr Pro Glu Arg Lys Leu Ser Val Ile Asn
 260 265 270

Asp Cys Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Phe Asn Pro Val Pro Val Tyr
 275 280 285

Thr Val Ala Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Pro Val Asp Gly Leu
 290 295 300

Ser His Gly Pro Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Ser
 305 310 315 320

Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ser Phe Ser Asn Asp Leu Leu Pro
 325 330 335

Tyr Leu Leu Lys Leu Lys Asp Trp Lys Ser Asp Pro Val Trp Ala Gly
 340 345 350

Ala Glu Lys Leu Phe His Glu Lys Val Lys Thr Leu Pro
 355 360 365

5 <210> 19
 <211> 453
 <212> ADN
 <213> *Moniliophthora perniciosa*

10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(453)
 <223> Lys1

<400> 19

ES 2 628 436 T3

atg aaa ttc aca ctc cct cgt ctt cga cca ctc acc att gga atc cgc	48
Met Lys Phe Thr Leu Pro Arg Leu Arg Pro Leu Thr Ile Gly Ile Arg	
1 5 10 15	
cgg gaa gac cct act cga att tgg gaa cga cgg gct cct cta acc ccc	96
Arg Glu Asp Pro Thr Arg Ile Trp Glu Arg Arg Ala Pro Leu Thr Pro	
20 25 30	
gac tcc gtt tac gag ctt gtc aag gac aag gcg gta caa gtt cat gtc	144
Asp Ser Val Tyr Glu Leu Val Lys Asp Lys Ala Val Gln Val His Val	
35 40 45	
gaa ggc tgc gac agg agg ata ttc aag gac gag gaa tac ata aag gcc	192
Glu Gly Cys Asp Arg Arg Ile Phe Lys Asp Glu Glu Tyr Ile Lys Ala	
50 55 60	
ggg gca aca atc cga ccc aac ctg aac gat gca cat gtt gta atg ggc	240
Gly Ala Thr Ile Arg Pro Asn Leu Asn Asp Ala His Val Val Met Gly	
65 70 75 80	
att aaa gag ccc cca ttg gac aga tta ttg ctt gat cct ctt cct cta	288
Ile Lys Glu Pro Pro Leu Asp Arg Leu Leu Leu Asp Pro Leu Pro Leu	
85 90 95	
tcc aac acc acg tcg aaa cat gag cga aca tac atg aag ttt tct cat	336
Ser Asn Thr Thr Ser Lys His Glu Arg Thr Tyr Met Lys Phe Ser His	
100 105 110	
act tgg aaa ggt caa gcc tac aat atg cca tta ctt tct gca ttc tta	384
Thr Trp Lys Gly Gln Ala Tyr Asn Met Pro Leu Leu Ser Ala Phe Leu	
115 120 125	
aac att cac cca ttc cat ggc gct tat aat gac cca ctg gcc cac act	432
Asn Ile His Pro Phe His Gly Ala Tyr Asn Asp Pro Leu Ala His Thr	
130 135 140	
aat tgg ata atg aac tcc tga	453
Asn Trp Ile Met Asn Ser	
145 150	

<210> 20

<211> 150

5 <212> PRT

<213> *Moniliophthora perniciosa*

<400> 20

ES 2 628 436 T3

atg tca ggc gat caa cca ctc cta tgg ctg cga tgc gag acc aaa ccg	48
Met Ser Gly Asp Gln Pro Leu Leu Trp Leu Arg Cys Glu Thr Lys Pro	
1 5 10 15	
ttc gag cat cgc tca gca tta act ccc ttg acc gcc aaa aaa ctc atc	96
Phe Glu His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Leu Thr Ala Lys Lys Leu Ile	
20 25 30	
gat gct gga ttc aag ctg gta gta gaa cgg gat cct caa cgg ttc ttc	144
Asp Ala Gly Phe Lys Leu Val Val Glu Arg Asp Pro Gln Arg Phe Phe	
35 40 45	
gct gat gac gaa ttt gca aaa gtc gga tgt gaa ctg gtc gaa cac aac	192
Ala Asp Asp Glu Phe Ala Lys Val Gly Cys Glu Leu Val Glu His Asn	
50 55 60	
tcg tgg ccc aag gct ccc tcc aat gca att atc atc gga ttg aag gag	240
Ser Trp Pro Lys Ala Pro Ser Asn Ala Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu	
65 70 75 80	
ttg cct ccg aat gat gat tcg ccc ctc atc cat acc cat gtc atg ttc	288
Leu Pro Pro Asn Asp Asp Ser Pro Leu Ile His Thr His Val Met Phe	
85 90 95	
ggc cat tgt tac aag caa caa gca ggc tac cag gac atc cta agt cga	336
Gly His Cys Tyr Lys Gln Gln Ala Gly Tyr Gln Asp Ile Leu Ser Arg	
100 105 110	
ttc aaa cga ggc ggg gga act ttg ctc gac atg gaa ttc ttg cag gac	384
Phe Lys Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Met Glu Phe Leu Gln Asp	
115 120 125	
gag cac acc aaa cgc aga gtg gct gcc ttt ggc ttc cac gcc gga ttc	432
Glu His Thr Lys Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Phe His Ala Gly Phe	
130 135 140	
aat ggc tct gct gtc ggt cta ctt gcg ctt ggg tcg atg tta tcc ggg	480
Asn Gly Ser Ala Val Gly Leu Leu Ala Leu Gly Ser Met Leu Ser Gly	
145 150 155 160	
gag gga agt ttg aaa gga ttg aag cct ttc aaa gat gaa gac gaa ttg	528
Glu Gly Ser Leu Lys Gly Leu Lys Pro Phe Lys Asp Glu Asp Glu Leu	
165 170 175	
att act cga ggg aag aaa gaa ttc gat cga gtg gtc gcc aag cta ggt	576
Ile Thr Arg Gly Lys Lys Glu Phe Asp Arg Val Val Ala Lys Leu Gly	
180 185 190	
cga cat cct aag gcc cta gtg att ggt tca ttg gga cgc tgt ggc tcc	624
Arg His Pro Lys Ala Leu Val Ile Gly Ser Leu Gly Arg Cys Gly Ser	
195 200 205	
gga gct gtt aca ttt ttc aag aaa att gga ttg aac aag gat gac gtc	672
Gly Ala Val Thr Phe Phe Lys Lys Ile Gly Leu Asn Lys Asp Asp Val	

ES 2 628 436 T3

210	215	220	
gtt gaa tgg gac atg gca gag act gcc aaa ggt ggc cca ttc caa gaa			720
Val Glu Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Gln Glu			
225	230	235	240
att ctt gaa gcc gat atc ttc atc aat tgc atc tac ttg agt agc aaa			768
Ile Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Ser Lys			
	245	250	255
atc ccc agc ttt gtc acc cgg gag aca ata gcc gca gca gga gat tct			816
Ile Pro Ser Phe Val Thr Arg Glu Thr Ile Ala Ala Ala Gly Asp Ser			
	260	265	270
cgc cag ctg agg gtt gta gtc gat gtg tcc tgt gat acc acc aat ccg			864
Arg Gln Leu Arg Val Val Val Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro			
	275	280	285
aac aat cct att ccg ata tat gac gtc aac act aca ttc gat tct cca			912
Asn Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Val Asn Thr Thr Phe Asp Ser Pro			
	290	295	300
acc gtg cct gtc cag cta gat gct gga ctg cca agc tta gaa gtt tgc			960
Thr Val Pro Val Gln Leu Asp Ala Gly Leu Pro Ser Leu Glu Val Cys			
305	310	315	320
tcg ata gat cat ctg cca aca ctt ctg ccc aga gaa gcc tcc gaa caa			1008
Ser Ile Asp His Leu Pro Thr Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Gln			
	325	330	335
ttt tcg aac gat ctc ctt cct acg ctt ttg caa tta aaa acg ttg gat			1056
Phe Ser Asn Asp Leu Leu Pro Thr Leu Leu Gln Leu Lys Thr Leu Asp			
	340	345	350
caa tct aaa gtt tgg act gaa gca agg gat ttg ttt cac aag atg gtc			1104
Gln Ser Lys Val Trp Thr Glu Ala Arg Asp Leu Phe His Lys Met Val			
	355	360	365
aat tcc atc tag			1116
Asn Ser Ile			
	370		

<210> 22
 <211> 371
 <212> PRT
 <213> *Puccinia graminis*

5

<400> 22

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

10

ES 2 628 436 T3

Ser Trp Pro Lys Ala Pro Ser Asn Ala Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu
65 70 75 80

Leu Pro Pro Asn Asp Asp Ser Pro Leu Ile His Thr His Val Met Phe
85 90 95

Gly His Cys Tyr Lys Gln Gln Ala Gly Tyr Gln Asp Ile Leu Ser Arg
100 105 110

Phe Lys Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Met Glu Phe Leu Gln Asp
115 120 125

Glu His Thr Lys Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Phe His Ala Gly Phe
130 135 140

Asn Gly Ser Ala Val Gly Leu Leu Ala Leu Gly Ser Met Leu Ser Gly
145 150 155 160

Glu Gly Ser Leu Lys Gly Leu Lys Pro Phe Lys Asp Glu Asp Glu Leu
165 170 175

Ile Thr Arg Gly Lys Lys Glu Phe Asp Arg Val Val Ala Lys Leu Gly
180 185 190

Arg His Pro Lys Ala Leu Val Ile Gly Ser Leu Gly Arg Cys Gly Ser
195 200 205

Gly Ala Val Thr Phe Phe Lys Lys Ile Gly Leu Asn Lys Asp Asp Val
210 215 220

Val Glu Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Gln Glu
225 230 235 240

Ile Leu Glu Ala Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Ser Lys
245 250 255

Ile Pro Ser Phe Val Thr Arg Glu Thr Ile Ala Ala Ala Gly Asp Ser
260 265 270

Arg Gln Leu Arg Val Val Val Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro
275 280 285

Asn Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Val Asn Thr Thr Phe Asp Ser Pro
290 295 300

Thr Val Pro Val Gln Leu Asp Ala Gly Leu Pro Ser Leu Glu Val Cys
305 310 315 320

ES 2 628 436 T3

Ser Ile Asp His Leu Pro Thr Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Gln
 325 330 335

Phe Ser Asn Asp Leu Leu Pro Thr Leu Leu Gln Leu Lys Thr Leu Asp
 340 345 350

Gln Ser Lys Val Trp Thr Glu Ala Arg Asp Leu Phe His Lys Met Val
 355 360 365

Asn Ser Ile
 370

<210> 23
 <211> 3045
 <212> ADN
 <213> *Phytophthora infestans*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(3045)
 <223> Lys1

<400> 23

atg tcg ggc aag tgt gta ggc atc gtc cgc gag gta tac aac aaa tgg	48
Met Ser Gly Lys Cys Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp	
1 5 10 15	
gag cgt cga gcg ccg ctc aca ccc gca cac gtt aag gag cta gtg gcg	96
Glu Arg Arg Ala Pro Leu Thr Pro Ala His Val Lys Glu Leu Val Ala	
20 25 30	
cgt ggc gtg cag gtg ctg gtt cag ccg tcc acg gca cgc gtc ttc tca	144
Arg Gly Val Gln Val Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser	
35 40 45	
gac gac cag tat gtt cgc gcc gga gcc aca ctg tcc gag aat ttg gcg	192
Asp Asp Gln Tyr Val Arg Ala Gly Ala Thr Leu Ser Glu Asn Leu Ala	
50 55 60	
ccg gcg aat gtc att gtg ggg gtc aag cag gtg ccc gag ccg gca ctg	240
Pro Ala Asn Val Ile Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu	
65 70 75 80	
ctg gcg gac aag acg tac ctc ttc ttc agt cat acc atc aaa gcg cag	288
Leu Ala Asp Lys Thr Tyr Leu Phe Phe Ser His Thr Ile Lys Ala Gln	
85 90 95	
ccc gag aac atg gcg ctg ctg gac gcc gtg cta cag cgt cgc gtc acg	336
Pro Glu Asn Met Ala Leu Leu Asp Ala Val Leu Gln Arg Arg Val Thr	
100 105 110	
cta atc gac tac gaa tgt atc aca gag gag agt ggt aag cgt ctc att	384
Leu Ile Asp Tyr Glu Cys Ile Thr Glu Glu Ser Gly Lys Arg Leu Ile	
115 120 125	
gcc ttc ggc gga aat gcc ggt cgt gca gga atg att gcg gcc ttc cga	432
Ala Phe Gly Gly Asn Ala Gly Arg Ala Gly Met Ile Ala Gly Phe Arg	
130 135 140	
ggt ctc gga gaa cgt ctc atc aac atg gga atc tcc tcg ccc ttc gtc	480

15

ES 2 628 436 T3

Gly	Leu	Gly	Glu	Arg	Leu	Ile	Asn	Met	Gly	Ile	Ser	Ser	Pro	Phe	Val		
145					150					155					160		
aac	atc	gcg	tcc	tcc	tac	atg	tac	gca	gac	tta	gag	cac	gct	aaa	gac		528
Asn	Ile	Ala	Ser	Ser	Tyr	Met	Tyr	Ala	Asp	Leu	Glu	His	Ala	Lys	Asp		
				165					170					175			
gca	gtg	gaa	gct	gca	ggt	aga	agg	att	cga	aca	gat	ggt	ctg	ccg	ggt		576
Ala	Val	Glu	Ala	Ala	Gly	Arg	Arg	Ile	Arg	Thr	Asp	Gly	Leu	Pro	Gly		
			180					185					190				
gac	ttg	gcg	cca	atg	aca	ttc	gcc	ttt	act	ggc	aat	ggc	aat	gtg	tct		624
Asp	Leu	Ala	Pro	Met	Thr	Phe	Ala	Phe	Thr	Gly	Asn	Gly	Asn	Val	Ser		
		195					200					205					
aaa	gga	gct	cag	gag	atc	ttc	aag	ctc	atg	ccg	cac	gag	atg	gtg	cat		672
Lys	Gly	Ala	Gln	Glu	Ile	Phe	Lys	Leu	Met	Pro	His	Glu	Met	Val	His		
	210					215					220						
cct	tcg	gaa	cta	cca	aag	ctg	cca	aaa	aac	aat	cgt	att	ctc	tac	ggt		720
Pro	Ser	Glu	Leu	Pro	Lys	Leu	Pro	Lys	Asn	Asn	Arg	Ile	Leu	Tyr	Gly		
225					230						235				240		
aca	gtc	atc	gac	gat	ccg	gcc	tac	ttt	gtt	aag	cct	cag	ccg	ggt	ttc		768
Thr	Val	Ile	Asp	Asp	Pro	Ala	Tyr	Phe	Val	Lys	Pro	Gln	Pro	Gly	Phe		
				245					250					255			
acg	ggt	gag	act	acg	aga	gct	cac	tac	tac	cag	aat	cca	cac	caa	tac		816
Thr	Gly	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala	His	Tyr	Tyr	Gln	Asn	Pro	His	Gln	Tyr		
			260					265					270				
gaa	gct	gct	ttc	cat	gaa	aaa	gtg	ttg	cca	tac	acc	tca	atg	ctc	gtc		864
Glu	Ala	Ala	Phe	His	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ser	Met	Leu	Val		
		275					280					285					
aac	tgt	atg	tac	tgg	gac	gac	cgt	ttt	cca	aga	ttg	gcc	acg	cga	gag		912
Asn	Cys	Met	Tyr	Trp	Asp	Asp	Arg	Phe	Pro	Arg	Leu	Ala	Thr	Arg	Glu		
	290				295						300						
cag	att	cgt	gag	ctt	cgc	aag	tct	ggg	aac	cac	aaa	ttg	ctc	ggg	atc		960
Gln	Ile	Arg	Glu	Leu	Arg	Lys	Ser	Gly	Asn	His	Lys	Leu	Leu	Gly	Ile		
305					310					315					320		
gct	gat	atc	tcg	tgc	gat	atc	ggc	gga	agt	atc	gag	ttt	ctg	gag	cgt		1008
Ala	Asp	Ile	Ser	Cys	Asp	Ile	Gly	Gly	Ser	Ile	Glu	Phe	Leu	Glu	Arg		
				325					330					335			
gct	act	gaa	att	gag	cgt	ccg	ttc	gct	ctg	tac	gac	ggt	ggt	gaa	gat		1056
Ala	Thr	Glu	Ile	Glu	Arg	Pro	Phe	Ala	Leu	Tyr	Asp	Val	Val	Glu	Asp		
			340					345					350				
aaa	atg	cgc	gaa	gat	gga	gac	agc	cga	ggc	ctc	gaa	gga	gac	gac	ggc		1104
Lys	Met	Arg	Glu	Asp	Gly	Asp	Ser	Arg	Gly	Leu	Glu	Gly	Asp	Asp	Gly		
		355					360					365					
att	atg	atg	atg	ggt	gtc	gat	atc	tta	ccg	agt	gaa	ctg	gca	cgc	gag		1152
Ile	Met	Met	Met	Gly	Val	Asp	Ile	Leu	Pro	Ser	Glu	Leu	Ala	Arg	Glu		
	370					375					380						
tcg	agt	cag	cag	ttc	ggt	gac	cgc	ttg	gtc	gga	tac	gtc	acg	gcg	ctg		1200
Ser	Ser	Gln	Gln	Phe	Gly	Asp	Arg	Leu	Val	Gly	Tyr	Val	Thr	Ala	Leu		
385				390						395					400		
tcg	agt	gct	tct	tcg	tcc	aac	ggt	cct	cta	cat	gaa	cag	aaa	gag	ctg		1248
Ser	Ser	Ala	Ser	Ser	Ser	Asn	Val	Pro	Leu	His	Glu	Gln	Lys	Glu	Leu		

ES 2 628 436 T3

	405	410	415	
cct gct gag cta cgt gga gct tgt atc gcc agc aat ggt gtg ctt gca				1296
Pro Ala Glu Leu Arg Gly Ala Cys Ile Ala Ser Asn Gly Val Leu Ala	420	425	430	
cct aaa tac gag tat atc cac cgt atg cga gcc gag cgc gag cgc agc				1344
Pro Lys Tyr Glu Tyr Ile His Arg Met Arg Ala Glu Arg Glu Arg Ser	435	440	445	
aag cag tac aag ttc ttg gat gct caa caa cag gtc gct ggg agt acg				1392
Lys Gln Tyr Lys Phe Leu Asp Ala Gln Gln Gln Val Ala Gly Ser Thr	450	455	460	
tgc gtt cta ctg gag ggg cac ctg ttt gat acc gga ctt att aac cag				1440
Cys Val Leu Leu Glu His Leu Phe Asp Thr Gly Leu Ile Asn Gln	465	470	475	480
gta ctc aac ctc att gaa gac cat gat ggg ggt ttc cac ctt cta gac				1488
Val Leu Asn Leu Ile Glu Asp His Asp Gly Gly Phe His Leu Leu Asp	485	490	495	
tgc gaa gta cgc cca aat gtt gga gtc ggg gac agt ggt gac agc acc				1536
Cys Glu Val Arg Pro Asn Val Gly Val Gly Asp Ser Ser Gly Asp Ser Thr	500	505	510	
agt tcg aac gcc atc gtg cag att agt atg agt gac cgt gaa gcg ctg				1584
Ser Ser Asn Ala Ile Val Gln Ile Ser Met Ser Asp Arg Glu Ala Leu	515	520	525	
gat gct atc atc acc aag atc cgc tcc tta gct gag ctt act tct ggt				1632
Asp Ala Ile Ile Thr Lys Ile Arg Ser Leu Ala Glu Leu Thr Ser Gly	530	535	540	
gcg aag gct acg gtc aca gaa cta ccc gat ctg tgc ggc aca gac tac				1680
Ala Lys Ala Thr Val Thr Glu Leu Pro Asp Leu Cys Gly Thr Asp Tyr	545	550	555	560
tcc aag acg cga ggt gtc gtg aga aaa gat gca gca gcc aat act atg				1728
Ser Lys Thr Arg Gly Val Val Arg Lys Asp Ala Ala Ala Asn Thr Met	565	570	575	
gct gaa gta tcg gtc tcc agc ccg aag aag cgg aag gtt gtg tgt ttt				1776
Ala Glu Val Ser Val Ser Ser Pro Lys Lys Arg Lys Val Val Cys Phe	580	585	590	
ggc gct gga ttg gtg gcg tca cca ctt gtg gag tat cta tca aga gag				1824
Gly Ala Gly Leu Val Ala Ser Pro Leu Val Glu Tyr Leu Ser Arg Glu	595	600	605	
caa gga aac gaa gtt cat gtg gtg tcg ggt att gag agg gaa gta aag				1872
Gln Gly Asn Glu Val His Val Val Ser Gly Ile Glu Arg Glu Val Lys	610	615	620	
gag atg atg cgc aaa atc tct cgt cga aac atc aag cct cac gta gtg				1920
Glu Met Met Arg Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val Val	625	630	635	640
aac gtc gct gaa gat gct gct gga gtc gac aaa ctt tgc gct gaa gcc				1968
Asn Val Ala Glu Asp Ala Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu Ala	645	650	655	
gat tgc gtt gtg tcg cta ctg cca gcg acc atg cac acg aca att gct				2016
Asp Cys Val Val Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile Ala	660	665	670	

ES 2 628 436 T3

cag cgc tgc att cag cat gcg act cct ctc gtg acg gct agc tat gtg Gln Arg Cys Ile Gln His Ala Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr Val 675 680 685	2064
tca cca gaa atg aag gag ctg gac gct agg gca aag aag gca ggt att Ser Pro Glu Met Lys Glu Leu Asp Ala Arg Ala Lys Lys Ala Gly Ile 690 695 700	2112
ccg atc ctc tgt gag att ggt ctc gac cct ggt atg gat cac atg agt Pro Ile Leu Cys Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met Ser 705 710 715 720	2160
gcc atg aaa gtc att gat gaa gtg aag gcc ctc tcc ggg aag gtc atg Ala Met Lys Val Ile Asp Glu Val Lys Ala Leu Ser Gly Lys Val Met 725 730 735	2208
acc ttc tcg tct gtc tgt ggc ggc ttg cca gct cct gaa gca gcg gac Thr Phe Ser Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala Asp 740 745 750	2256
aac gcc att ggt tac aag ttc agt tgg agt ccg cgt ggt gtg ctc acg Asn Ala Ile Gly Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu Thr 755 760 765	2304
gcg gca ctg aat gca gcc cag tac cgc aaa gac ggc aaa gtc atc aac Ala Ala Leu Asn Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Gly Lys Val Ile Asn 770 775 780	2352
gtg gca ggt gaa gac tta ctc aat aga agc gaa cgc gta aac ttc ttg Val Ala Gly Glu Asp Leu Leu Asn Arg Ser Glu Arg Val Asn Phe Leu 785 790 795 800	2400
ccg gcg ttc aac atc gag cag atc ccg aac cgt aat tcg ctt cct tac Pro Ala Phe Asn Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asn Ser Leu Pro Tyr 805 810 815	2448
ggc gat atc tat ggc atc cca gag gca cac tcg ctg tat cgt gga act Gly Asp Ile Tyr Gly Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly Thr 820 825 830	2496
ctg cga tac ggt gga tgc tgt caa att ctg tac cag cta cgc aag ctt Leu Arg Tyr Gly Gly Cys Cys Gln Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys Leu 835 840 845	2544
ggc ctc ttt gac atg gac cca tcc aaa ccc att cca gcg act tgg ccg Gly Leu Phe Asp Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp Pro 850 855 860	2592
gat ctt ctg acg cag ttg ggt ggt ttc caa ggt ctt cgc gaa gac gcc Asp Leu Leu Thr Gln Leu Gly Gly Phe Gln Gly Leu Arg Glu Asp Ala 865 870 875 880	2640
cat ggg ttc ctt cag tgg ctt ggt gcc ttt gat aaa tca aat cct gtg His Gly Phe Leu Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp Lys Ser Asn Pro Val 885 890 895	2688
gtt aaa gcc ccg tcc atc ctt gac gct ttc tgc gct ctc ctg caa gat Val Lys Ala Pro Ser Ile Leu Asp Ala Phe Cys Ala Leu Leu Gln Asp 900 905 910	2736
aag ttg tcg tac caa cca gga gaa cgc gac atg gcc atc atg cat cat Lys Leu Ser Tyr Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His His 915 920 925	2784

ES 2 628 436 T3

```

gag ttc ggc atc gag tac gag gat ggc aag aag gaa aag cgt acg tca      2832
Glu Phe Gly Ile Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Lys Glu Lys Arg Thr Ser
   930                               935                               940

aca ttc gtg ggc tac ggg tcc gag aag ggc gac acg atc atg gct aaa      2880
Thr Phe Val Gly Tyr Gly Ser Glu Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala Lys
   945                               950                               955                               960

acg gtt gga tta agt gct gct atc ggc gtc cag ttg atc ttg cag gac      2928
Thr Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln Asp
                               965                               970                               975

gca gtt caa ggt cgt ggt gtg ctt acc ccc aca acc ccc gac atc tac      2976
Ala Val Gln Gly Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile Tyr
                               980                               985                               990

ggt cct gca ctg gcc cgt ctc gag gtc gaa ggt gtg cgc ttc att gaa      3024
Gly Pro Ala Leu Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile Glu
                               995                               1000                               1005

aaa aca ttc cca cag cat taa      3045
Lys Thr Phe Pro Gln His
   1010

```

<210> 24
 <211> 1014
 <212> PRT
 <213> *Phytophthora infestans*
 <400> 24

5

```

Met Ser Gly Lys Cys Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp
  1                               5                               10                               15

Glu Arg Arg Ala Pro Leu Thr Pro Ala His Val Lys Glu Leu Val Ala
                               20                               25                               30

Arg Gly Val Gln Val Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser
                               35                               40                               45

Asp Asp Gln Tyr Val Arg Ala Gly Ala Thr Leu Ser Glu Asn Leu Ala
  50                               55                               60

Pro Ala Asn Val Ile Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu
  65                               70                               75                               80

Leu Ala Asp Lys Thr Tyr Leu Phe Phe Ser His Thr Ile Lys Ala Gln
                               85                               90                               95

Pro Glu Asn Met Ala Leu Leu Asp Ala Val Leu Gln Arg Arg Val Thr
                               100                               105                               110

Leu Ile Asp Tyr Glu Cys Ile Thr Glu Glu Ser Gly Lys Arg Leu Ile
                               115                               120                               125

Ala Phe Gly Gly Asn Ala Gly Arg Ala Gly Met Ile Ala Gly Phe Arg

```

10

ES 2 628 436 T3

130						135										140
Gly	Leu	Gly	Glu	Arg	Leu	Ile	Asn	Met	Gly	Ile	Ser	Ser	Pro	Phe	Val	
145					150					155					160	
Asn	Ile	Ala	Ser	Ser	Tyr	Met	Tyr	Ala	Asp	Leu	Glu	His	Ala	Lys	Asp	
				165					170					175		
Ala	Val	Glu	Ala	Ala	Gly	Arg	Arg	Ile	Arg	Thr	Asp	Gly	Leu	Pro	Gly	
			180					185					190			
Asp	Leu	Ala	Pro	Met	Thr	Phe	Ala	Phe	Thr	Gly	Asn	Gly	Asn	Val	Ser	
		195					200					205				
Lys	Gly	Ala	Gln	Glu	Ile	Phe	Lys	Leu	Met	Pro	His	Glu	Met	Val	His	
	210					215					220					
Pro	Ser	Glu	Leu	Pro	Lys	Leu	Pro	Lys	Asn	Asn	Arg	Ile	Leu	Tyr	Gly	
225					230					235					240	
Thr	Val	Ile	Asp	Asp	Pro	Ala	Tyr	Phe	Val	Lys	Pro	Gln	Pro	Gly	Phe	
				245					250					255		
Thr	Gly	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala	His	Tyr	Tyr	Gln	Asn	Pro	His	Gln	Tyr	
			260					265					270			
Glu	Ala	Ala	Phe	His	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ser	Met	Leu	Val	
		275					280					285				
Asn	Cys	Met	Tyr	Trp	Asp	Asp	Arg	Phe	Pro	Arg	Leu	Ala	Thr	Arg	Glu	
	290					295					300					
Gln	Ile	Arg	Glu	Leu	Arg	Lys	Ser	Gly	Asn	His	Lys	Leu	Leu	Gly	Ile	
305					310					315					320	
Ala	Asp	Ile	Ser	Cys	Asp	Ile	Gly	Gly	Ser	Ile	Glu	Phe	Leu	Glu	Arg	
				325					330					335		
Ala	Thr	Glu	Ile	Glu	Arg	Pro	Phe	Ala	Leu	Tyr	Asp	Val	Val	Glu	Asp	
			340					345					350			
Lys	Met	Arg	Glu	Asp	Gly	Asp	Ser	Arg	Gly	Leu	Glu	Gly	Asp	Asp	Gly	
		355					360					365				
Ile	Met	Met	Met	Gly	Val	Asp	Ile	Leu	Pro	Ser	Glu	Leu	Ala	Arg	Glu	
	370					375					380					
Ser	Ser	Gln	Gln	Phe	Gly	Asp	Arg	Leu	Val	Gly	Tyr	Val	Thr	Ala	Leu	
385					390					395					400	

ES 2 628 436 T3

Ser Ser Ala Ser Ser Ser Asn Val Pro Leu His Glu Gln Lys Glu Leu
405 410 415

Pro Ala Glu Leu Arg Gly Ala Cys Ile Ala Ser Asn Gly Val Leu Ala
420 425 430

Pro Lys Tyr Glu Tyr Ile His Arg Met Arg Ala Glu Arg Glu Arg Ser
435 440 445

Lys Gln Tyr Lys Phe Leu Asp Ala Gln Gln Gln Val Ala Gly Ser Thr
450 455 460

Cys Val Leu Leu Glu Gly His Leu Phe Asp Thr Gly Leu Ile Asn Gln
465 470 475 480

Val Leu Asn Leu Ile Glu Asp His Asp Gly Gly Phe His Leu Leu Asp
485 490 495

Cys Glu Val Arg Pro Asn Val Gly Val Gly Asp Ser Gly Asp Ser Thr
500 505 510

Ser Ser Asn Ala Ile Val Gln Ile Ser Met Ser Asp Arg Glu Ala Leu
515 520 525

Asp Ala Ile Ile Thr Lys Ile Arg Ser Leu Ala Glu Leu Thr Ser Gly
530 535 540

Ala Lys Ala Thr Val Thr Glu Leu Pro Asp Leu Cys Gly Thr Asp Tyr
545 550 555 560

Ser Lys Thr Arg Gly Val Val Arg Lys Asp Ala Ala Ala Asn Thr Met
565 570 575

Ala Glu Val Ser Val Ser Ser Pro Lys Lys Arg Lys Val Val Cys Phe
580 585 590

Gly Ala Gly Leu Val Ala Ser Pro Leu Val Glu Tyr Leu Ser Arg Glu
595 600 605

Gln Gly Asn Glu Val His Val Val Ser Gly Ile Glu Arg Glu Val Lys
610 615 620

Glu Met Met Arg Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val Val
625 630 635 640

Asn Val Ala Glu Asp Ala Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu Ala
645 650 655

ES 2 628 436 T3

Asp Cys Val Val Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile Ala
 660 665 670

Gln Arg Cys Ile Gln His Ala Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr Val
 675 680 685

Ser Pro Glu Met Lys Glu Leu Asp Ala Arg Ala Lys Lys Ala Gly Ile
 690 695 700

Pro Ile Leu Cys Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met Ser
 705 710 715 720

Ala Met Lys Val Ile Asp Glu Val Lys Ala Leu Ser Gly Lys Val Met
 725 730 735

Thr Phe Ser Ser Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala Asp
 740 745 750

Asn Ala Ile Gly Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu Thr
 755 760 765

Ala Ala Leu Asn Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Gly Lys Val Ile Asn
 770 775 780

Val Ala Gly Glu Asp Leu Leu Asn Arg Ser Glu Arg Val Asn Phe Leu
 785 790 795 800

Pro Ala Phe Asn Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asn Ser Leu Pro Tyr
 805 810 815

Gly Asp Ile Tyr Gly Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly Thr
 820 825 830

Leu Arg Tyr Gly Gly Cys Cys Gln Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys Leu
 835 840 845

Gly Leu Phe Asp Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp Pro
 850 855 860

Asp Leu Leu Thr Gln Leu Gly Gly Phe Gln Gly Leu Arg Glu Asp Ala
 865 870 875 880

His Gly Phe Leu Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp Lys Ser Asn Pro Val
 885 890 895

Val Lys Ala Pro Ser Ile Leu Asp Ala Phe Cys Ala Leu Leu Gln Asp
 900 905 910

ES 2 628 436 T3

Lys Leu Ser Tyr Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His His
 915 920 925

Glu Phe Gly Ile Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Lys Glu Lys Arg Thr Ser
 930 935 940

Thr Phe Val Gly Tyr Gly Ser Glu Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala Lys
 945 950 955 960

Thr Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln Asp
 965 970 975

Ala Val Gln Gly Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile Tyr
 980 985 990

Gly Pro Ala Leu Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile Glu
 995 1000 1005

Lys Thr Phe Pro Gln His
 1010

- <210> 25
- <211> 3015
- 5 <212> ADN
- <213> *Phytophthora ramorum*
- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1)..(3015)
- <223> Lys1
- <400> 25

ES 2 628 436 T3

gtg ggc atc gtg cgc gag gtg tac aac aag tgg gag cgc cgc gcg ccg	48
Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp Glu Arg Arg Ala Pro	
1 5 10 15	
ctc acc ccc gcg cac gtc cgc gag ctc gtg cag cgc ggc gtg cag gtg	96
Leu Thr Pro Ala His Val Arg Glu Leu Val Gln Arg Gly Val Gln Val	
20 25 30	
ttg gtg cag ccg tct acg gcg cgc gtc ttc tca gac gag cag tac gtg	144
Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser Asp Glu Gln Tyr Val	
35 40 45	
cga gcg ggc gcc aag ctg gcc gag gac ctg gcg ccc gcc aat atc atc	192
Arg Ala Gly Ala Lys Leu Ala Glu Asp Leu Ala Pro Ala Asn Ile Ile	
50 55 60	
gtg ggc gtc aag cag gta ccg gag ccg gcg ctt ctg gcg gac aag aca	240
Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu Leu Ala Asp Lys Thr	
65 70 75 80	
tac ctc ttc ttc agc cat acc atc aag gcg cag cct gag aac atg gcg	288
Tyr Leu Phe Phe Ser His Thr Ile Lys Ala Gln Pro Glu Asn Met Ala	
85 90 95	
ctc ctg gat gcc gtg ctg cag cgc cgc gtc acg ctc atc gac tac gag	336

ES 2 628 436 T3

Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Leu	Gln	Arg	Arg	Val	Thr	Leu	Ile	Asp	Tyr	Glu		
			100					105					110				
tgc	atc	aca	gag	gag	agc	ggc	aag	cgc	ctc	atc	gcc	ttc	gga	ggc	aac		384
Cys	Ile	Thr	Glu	Glu	Ser	Gly	Lys	Arg	Leu	Ile	Ala	Phe	Gly	Gly	Asn		
		115					120					125					
gcg	ggg	cga	gca	gga	atg	atc	gcg	ggc	ttc	cgg	ggg	ctt	ggg	gaa	cgc		432
Ala	Gly	Arg	Ala	Gly	Met	Ile	Ala	Gly	Phe	Arg	Gly	Leu	Gly	Glu	Arg		
	130					135					140						
ctc	atc	aac	atg	ggc	atc	tcc	tcg	ccc	ttt	gtg	aac	gta	gcg	tcg	gcc		480
Leu	Ile	Asn	Met	Gly	Ile	Ser	Ser	Pro	Phe	Val	Asn	Val	Ala	Ser	Ala		
145					150					155					160		
tac	atg	tac	tcg	gac	ttg	gag	cac	gca	aaa	gac	gcc	gta	gaa	gct	gcg		528
Tyr	Met	Tyr	Ser	Asp	Leu	Glu	His	Ala	Lys	Asp	Ala	Val	Glu	Ala	Ala		
			165						170					175			
ggc	agg	agg	att	cgg	tcc	gat	gga	ttg	cca	ggc	gag	ctg	gcg	ccc	atg		576
Gly	Arg	Arg	Ile	Arg	Ser	Asp	Gly	Leu	Pro	Gly	Glu	Leu	Ala	Pro	Met		
			180					185					190				
gcc	ttc	gcc	ttc	acg	ggc	aat	ggc	aac	gtg	tcc	aaa	ggg	gcg	cag	gag		624
Ala	Phe	Ala	Phe	Thr	Gly	Asn	Gly	Asn	Val	Ser	Lys	Gly	Ala	Gln	Glu		
		195				200						205					
atc	ttc	aag	ctc	atg	cca	cat	gaa	atg	gtg	cat	ccg	tca	gag	ctg	cca		672
Ile	Phe	Lys	Leu	Met	Pro	His	Glu	Met	Val	His	Pro	Ser	Glu	Leu	Pro		
	210					215					220						
aac	ttg	ccg	aag	aac	aac	cac	atc	ctg	tac	ggc	acc	gtg	ggt	gat	gac		720
Asn	Leu	Pro	Lys	Asn	Asn	His	Ile	Leu	Tyr	Gly	Thr	Val	Val	Asp	Asp		
225				230						235				240			
ccg	gcc	ttc	ttt	gtg	aag	ccg	cag	gct	ggc	aac	agc	ggc	acg	gcc	tcg		768
Pro	Ala	Phe	Phe	Val	Lys	Pro	Gln	Ala	Gly	Asn	Ser	Gly	Thr	Ala	Ser		
			245					250						255			
cgc	gca	cac	tac	tac	cag	aac	cca	cac	cag	tac	gac	cct	gcc	ttc	cac		816
Arg	Ala	His	Tyr	Tyr	Gln	Asn	Pro	His	Gln	Tyr	Asp	Pro	Ala	Phe	His		
			260				265						270				
gag	aag	gtg	ctg	ccg	tac	acg	tcc	atg	ttg	gtg	aac	tgc	atg	tac	tgg		864
Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ser	Met	Leu	Val	Asn	Cys	Met	Tyr	Trp		
		275					280					285					
gac	gac	cgt	ttc	ccg	cga	ttg	ggt	acg	cgc	gaa	cag	atc	cgt	gag	ctt		912
Asp	Asp	Arg	Phe	Pro	Arg	Leu	Val	Thr	Arg	Glu	Gln	Ile	Arg	Glu	Leu		
	290					295					300						
cga	ggc	tct	gga	aac	caa	aag	ctg	ctg	ggc	att	gcc	gat	att	tcg	tgc		960
Arg	Gly	Ser	Gly	Asn	Gln	Lys	Leu	Leu	Gly	Ile	Ala	Asp	Ile	Ser	Cys		
305				310					315					320			
gat	att	ggc	ggc	agt	ggt	gaa	ttt	ttg	gag	cgc	gcg	acg	gaa	att	gaa		1008
Asp	Ile	Gly	Gly	Ser	Val	Glu	Phe	Leu	Glu	Arg	Ala	Thr	Glu	Ile	Glu		
				325				330						335			
cgc	ccg	ttc	gcg	ctg	tac	gat	gtc	gct	gaa	gac	aaa	atg	cgc	gag	gat		1056
Arg	Pro	Phe	Ala	Leu	Tyr	Asp	Val	Ala	Glu	Asp	Lys	Met	Arg	Glu	Asp		
			340				345						350				
ggc	gat	agt	cga	ggg	ctc	gaa	ggg	gat	aac	ggc	atc	atg	atg	atg	ggg		1104
Gly	Asp	Ser	Arg	Gly	Leu	Glu	Gly	Asp	Asn	Gly	Ile	Met	Met	Met	Gly		

ES 2 628 436 T3

355					360					365					
gtc gat ata ttg cca agc gaa ctt cca cgc gag tct agt caa cag ttc															1152
Val Asp Ile Leu Pro Ser Glu Leu Pro Arg Glu Ser Ser Gln Gln Phe															
370					375				380						
ggc gac cgt ctg gtc gca tac gtg gcg gcg ctg tcg aat gct tcc tca															1200
Gly Asp Arg Leu Val Ala Tyr Val Ala Ala Leu Ser Asn Ala Ser Ser															
385					390				395					400	
tcc agt gtc cca ctt cat gag caa aag gag cta cct gct gag ctc cgt															1248
Ser Ser Val Pro Leu His Glu Gln Lys Glu Leu Pro Ala Glu Leu Arg															
				405				410						415	
ggc gcc tgc atc gca agc aaa gga gta ctc gcc cca aaa tac gag tac															1296
Gly Ala Cys Ile Ala Ser Lys Gly Val Leu Ala Pro Lys Tyr Glu Tyr															
			420				425							430	
att cac cgt atg cgt gcc gaa cgt gag cgc agt aag cag tac aag ttc															1344
Ile His Arg Met Arg Ala Glu Arg Glu Arg Ser Lys Gln Tyr Lys Phe															
			435				440							445	
ctg gat gcg cag cag gaa gtt gcg ggg agc acg tgt att ctg ctt gaa															1392
Leu Asp Ala Gln Gln Glu Val Ala Gly Ser Thr Cys Ile Leu Leu Glu															
			450				455							460	
ggt cac ctc ttc gat aca gga ctt atc aac caa gtg ctc aac ctc att															1440
Gly His Leu Phe Asp Thr Gly Leu Ile Asn Gln Val Leu Asn Leu Ile															
			465				470							475	480
gag gac cat gat ggc gga ttc cac ctt gtg gac tgt gaa gtg cgg ccg															1488
Glu Asp His Asp Gly Phe His Leu Val Asp Cys Glu Val Arg Pro															
			485						490					495	
aac gtt gct gtc agc gac agt ggc gac tgt acc ata tcg aat gct atc															1536
Asn Val Ala Val Ser Asp Ser Gly Asp Cys Thr Ile Ser Asn Ala Ile															
			500						505					510	
gtc cag ata agc atg aac gat cga gct gcg ctg gat gaa att atc tca															1584
Val Gln Ile Ser Met Asn Asp Arg Ala Ala Leu Asp Glu Ile Ile Ser															
			515						520					525	
aag gtt cgc tct ctt gct gac ctt acc tcc ggt gcc aag gct act gtc															1632
Lys Val Arg Ser Leu Ala Asp Leu Thr Ser Gly Ala Lys Ala Thr Val															
			530						535					540	
act gag ctt ccc gac ttg tgc ggt aca aac tac tcg aag aca cgt ggt															1680
Thr Glu Leu Pro Asp Leu Cys Gly Thr Asn Tyr Ser Lys Thr Arg Gly															
			545						550					555	560
gct gta gta cgg aag gac gcg gct gcc aat acg act acc gac gtg tcg															1728
Ala Val Val Arg Lys Asp Ala Ala Ala Asn Thr Thr Thr Asp Val Ser															
			565						570					575	
gtc tca agc cca aag agg cga aag att gta tgc ttt ggc gcc ggg ttg															1776
Val Ser Ser Pro Lys Arg Arg Lys Ile Val Cys Phe Gly Ala Gly Leu															
			580						585					590	
gtg gca tcg ccc ctt gtg gag tat ctg tcg cgt gaa caa gtc aac gaa															1824
Val Ala Ser Pro Leu Val Glu Tyr Leu Ser Arg Glu Gln Val Asn Glu															
			595						600					605	
gtt cat gtg gtg tct ggc ctc gag ggt gag gta aag gga att atg cgc															1872
Val His Val Val Ser Gly Leu Glu Gly Glu Val Lys Gly Ile Met Arg															
			610						615					620	

ES 2 628 436 T3

aag atc tct cgc cga aac atc aag cct cat gtt gta aac gta gct gaa Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val Val Asn Val Ala Glu 625 630 635 640	1920
gac act gcc gga gtt gac aag ctt tgt gca gaa gct gat tgt gtc gtg Asp Thr Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu Ala Asp Cys Val Val 645 650 655	1968
tca ctt ttg cca gcg acc atg cac aca acg att gcc gag cgc tgt att Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile Ala Glu Arg Cys Ile 660 665 670	2016
cag cac gcg aca cca ctt gtg act gca agt tat gtg tct ccg gag atg Gln His Ala Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr Val Ser Pro Glu Met 675 680 685	2064
aaa gag ctg gac tcc aag gca aag caa gct ggc atc cct atc ctc tgt Lys Glu Leu Asp Ser Lys Ala Lys Gln Ala Gly Ile Pro Ile Leu Cys 690 695 700	2112
gaa att ggt ctt gac cct ggc atg gat cac atg agc gcg atg aaa gtt Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met Ser Ala Met Lys Val 705 710 715 720	2160
att gat gag gtg aag gcg cac tct ggg aag atc aag tct ttc tcg tct Ile Asp Glu Val Lys Ala His Ser Gly Lys Ile Lys Ser Phe Ser Ser 725 730 735	2208
gta tgt ggc ggg ctg ccg gcg cct gag gca gcg gac aac gct att ggt Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala Asp Asn Ala Ile Gly 740 745 750	2256
tac aag ttc agc tgg agt ccg cgc ggt gtg cta aca gca gcg ctg aat Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu Thr Ala Ala Leu Asn 755 760 765	2304
gca gct caa tac cgc aaa gac gac aaa gtc att aat gtg gcc ggt gaa Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Asp Lys Val Ile Asn Val Ala Gly Glu 770 775 780	2352
gac ttg cta aac agc agt gag cgc gtg aac ttc ctg cca gcg ttc aac Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu Arg Val Asn Phe Leu Pro Ala Phe Asn 785 790 795 800	2400
att gag cag att cca aac cgt aat tcg ctg ccg tac ggc gat atc tac Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asn Ser Leu Pro Tyr Gly Asp Ile Tyr 805 810 815	2448
ggc att ccg gaa gca cac tca ttg tat cgc ggc act ctg cgc tat ggt Gly Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly Thr Leu Arg Tyr Gly 820 825 830	2496
ggc tgc tgt caa att ttg tac caa cta cgt aag ctc ggc ctc ttc gac Gly Cys Cys Gln Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys Leu Gly Leu Phe Asp 835 840 845	2544
atg gac cca tcc aag ccc att cca gct act tgg cca gac ctt ctc act Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp Pro Asp Leu Leu Thr 850 855 860	2592
caa tta ggt gga cac caa gac ctt cgt gaa gat gcc agc ggg ttc ctt Gln Leu Gly Gly His Gln Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ser Gly Phe Leu 865 870 875 880	2640

ES 2 628 436 T3

cag tgg ctt ggt gcc ttt gat cgc acc acg cct att gtt aag gca ccg	2688
Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp Arg Thr Thr Pro Ile Val Lys Ala Pro	
885 890 895	
tcc gtt ctc gac gct ttc tgt aca ttg ctg cag gac aag tta tcg tac	2736
Ser Val Leu Asp Ala Phe Cys Thr Leu Leu Gln Asp Lys Leu Ser Tyr	
900 905 910	
cag ccg ggt gaa cgc gac atg gcc atc atg cac cat gaa ttc gcc att	2784
Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His His Glu Phe Gly Ile	
915 920 925	
gag tac gaa gat ggc aaa agg gaa aaa cgc acg tca acg ttc gtg gcc	2832
Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Arg Glu Lys Arg Thr Ser Thr Phe Val Gly	
930 935 940	
tat ggc tcc gag aag ggc gac aca atc atg gca aaa act gtc gcc ttg	2880
Tyr Gly Ser Glu Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala Lys Thr Val Gly Leu	
945 950 955 960	
agt gca gct att ggc gtg cag ctg att ttg cag gac gcc gtc cag gcc	2928
Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln Asp Ala Val Gln Gly	
965 970 975	
cga ggt gtg cta acc ccg aca acc cct gac atc tac gcc cca gcc ctc	2976
Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile Tyr Gly Pro Ala Leu	
980 985 990	
gcc cgt ctc gaa gtc gaa ggt gtg cgc ttc atc gag aag	3015
Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile Glu Lys	
995 1000 1005	

<210> 26
 <211> 1005
 <212> PRT
 <213> *Phytophthora ramorum*
 <400> 26

5

ES 2 628 436 T3

Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp Glu Arg Arg Ala Pro
 1 5 10 15

Leu Thr Pro Ala His Val Arg Glu Leu Val Gln Arg Gly Val Gln Val
 20 25 30

Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser Asp Glu Gln Tyr Val
 35 40 45

Arg Ala Gly Ala Lys Leu Ala Glu Asp Leu Ala Pro Ala Asn Ile Ile
 50 55 60

Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu Leu Ala Asp Lys Thr
 65 70 75 80

Tyr Leu Phe Phe Ser His Thr Ile Lys Ala Gln Pro Glu Asn Met Ala
 85 90 95

Leu Leu Asp Ala Val Leu Gln Arg Arg Val Thr Leu Ile Asp Tyr Glu

ES 2 628 436 T3

Val Asp Ile Leu Pro Ser Glu Leu Pro Arg Glu Ser Ser Gln Gln Phe
 370 375 380

Gly Asp Arg Leu Val Ala Tyr Val Ala Ala Leu Ser Asn Ala Ser Ser
 385 390 395 400

Ser Ser Val Pro Leu His Glu Gln Lys Glu Leu Pro Ala Glu Leu Arg
 405 410 415

Gly Ala Cys Ile Ala Ser Lys Gly Val Leu Ala Pro Lys Tyr Glu Tyr
 420 425 430

Ile His Arg Met Arg Ala Glu Arg Glu Arg Ser Lys Gln Tyr Lys Phe
 435 440 445

Leu Asp Ala Gln Gln Glu Val Ala Gly Ser Thr Cys Ile Leu Leu Glu
 450 455 460

Gly His Leu Phe Asp Thr Gly Leu Ile Asn Gln Val Leu Asn Leu Ile
 465 470 475 480

Glu Asp His Asp Gly Gly Phe His Leu Val Asp Cys Glu Val Arg Pro
 485 490 495

Asn Val Ala Val Ser Asp Ser Gly Asp Cys Thr Ile Ser Asn Ala Ile
 500 505 510

Val Gln Ile Ser Met Asn Asp Arg Ala Ala Leu Asp Glu Ile Ile Ser
 515 520 525

Lys Val Arg Ser Leu Ala Asp Leu Thr Ser Gly Ala Lys Ala Thr Val
 530 535 540

Thr Glu Leu Pro Asp Leu Cys Gly Thr Asn Tyr Ser Lys Thr Arg Gly
 545 550 555 560

Ala Val Val Arg Lys Asp Ala Ala Ala Asn Thr Thr Thr Asp Val Ser
 565 570 575

Val Ser Ser Pro Lys Arg Arg Lys Ile Val Cys Phe Gly Ala Gly Leu
 580 585 590

Val Ala Ser Pro Leu Val Glu Tyr Leu Ser Arg Glu Gln Val Asn Glu
 595 600 605

Val His Val Val Ser Gly Leu Glu Gly Glu Val Lys Gly Ile Met Arg
 610 615 620

ES 2 628 436 T3

Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val Val Asn Val Ala Glu
 625 630 635 640

Asp Thr Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu Ala Asp Cys Val Val
 645 650 655

Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile Ala Glu Arg Cys Ile
 660 665 670

Gln His Ala Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr Val Ser Pro Glu Met
 675 680 685

Lys Glu Leu Asp Ser Lys Ala Lys Gln Ala Gly Ile Pro Ile Leu Cys
 690 695 700

Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met Ser Ala Met Lys Val
 705 710 715 720

Ile Asp Glu Val Lys Ala His Ser Gly Lys Ile Lys Ser Phe Ser Ser
 725 730 735

Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala Asp Asn Ala Ile Gly
 740 745 750

Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu Thr Ala Ala Leu Asn
 755 760 765

Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Asp Lys Val Ile Asn Val Ala Gly Glu
 770 775 780

Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu Arg Val Asn Phe Leu Pro Ala Phe Asn
 785 790 795 800

Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asn Ser Leu Pro Tyr Gly Asp Ile Tyr
 805 810 815

Gly Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly Thr Leu Arg Tyr Gly
 820 825 830

Gly Cys Cys Gln Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys Leu Gly Leu Phe Asp
 835 840 845

Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp Pro Asp Leu Leu Thr
 850 855 860

Gln Leu Gly Gly His Gln Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ser Gly Phe Leu
 865 870 875 880

ES 2 628 436 T3

Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp Arg Thr Thr Pro Ile Val Lys Ala Pro
 885 890 895

Ser Val Leu Asp Ala Phe Cys Thr Leu Leu Gln Asp Lys Leu Ser Tyr
 900 905 910

Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His His Glu Phe Gly Ile
 915 920 925

Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Arg Glu Lys Arg Thr Ser Thr Phe Val Gly
 930 935 940

Tyr Gly Ser Glu Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala Lys Thr Val Gly Leu
 945 950 955 960

Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln Asp Ala Val Gln Gly
 965 970 975

Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile Tyr Gly Pro Ala Leu
 980 985 990

Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile Glu Lys
 995 1000 1005

<210> 27
 <211> 3048
 <212> ADN
 <213> *Phytophthora sojae*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(3048)
 <223> Lys1

<400> 27

atg acg ggc aag tgc gtg ggc atc gtc cgc gag gtg tac aac aag tgg 48
 Met Thr Gly Lys Cys Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp
 1 5 10 15

gag cgg cgc gcg ccg ctc acg ccc gcg cac gtc cgg gag ctc gtg cag 96
 Glu Arg Arg Ala Pro Leu Thr Pro Ala His Val Arg Glu Leu Val Gln
 20 25 30

cgc ggc atc cag gtg ctg gtg cag ccg tcc acg gcg cgc gtc ttc tcg 144
 Arg Gly Ile Gln Val Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser
 35 40 45

gac gag cag tac gtg cgc gcg ggc gcc act ttg tcc gag gac ctg gcg 192
 Asp Glu Gln Tyr Val Arg Ala Gly Ala Thr Leu Ser Glu Asp Leu Ala
 50 55 60

ccc gcc aac gtc atc gtg ggc gtc aag cag gtg ccc gag ccg gcg ctg 240
 Pro Ala Asn Val Ile Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu
 65 70 75 80

ctg gcc gac aag acg tac ctc ttc ttc agc cac acc atc aag gcg cag 288

5

10

15

ES 2 628 436 T3

Leu	Ala	Asp	Lys	Thr	Tyr	Leu	Phe	Phe	Ser	His	Thr	Ile	Lys	Ala	Gln		
				85					90					95			
ccg	gag	aac	atg	gcg	ttg	ctg	gac	gcc	gtg	ctg	cag	cgc	cgc	atc	acg		336
Pro	Glu	Asn	Met	Ala	Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Leu	Gln	Arg	Arg	Ile	Thr		
			100					105					110				
ctc	gtc	gac	tac	gag	tgc	atc	aca	gag	gag	agc	ggc	aag	cgc	ctc	atc		384
Leu	Val	Asp	Tyr	Glu	Cys	Ile	Thr	Glu	Glu	Ser	Gly	Lys	Arg	Leu	Ile		
			115				120						125				
gcc	ttc	ggg	ggc	aac	gcc	ggc	cgc	gcc	ggt	atg	atc	ggc	ggc	ttc	cgg		432
Ala	Phe	Gly	Gly	Asn	Ala	Gly	Arg	Ala	Gly	Met	Ile	Ala	Gly	Phe	Arg		
			130				135					140					
ggg	ctt	gga	gag	cgc	ctc	atc	aac	atg	ggc	gtc	tcc	tcg	ccc	ttc	gtg		480
Gly	Leu	Gly	Glu	Arg	Leu	Ile	Asn	Met	Gly	Val	Ser	Ser	Pro	Phe	Val		
					150					155					160		
aac	gtc	gcg	tcc	gcc	tac	atg	tac	tcg	gac	ttg	gag	cac	gcc	aag	gac		528
Asn	Val	Ala	Ser	Ala	Tyr	Met	Tyr	Ser	Asp	Leu	Glu	His	Ala	Lys	Asp		
				165					170					175			
gcg	gtg	gag	gcc	gcg	ggc	aag	agg	atc	cgc	tcg	gac	gga	ctg	ccg	agc		576
Ala	Val	Glu	Ala	Ala	Gly	Lys	Arg	Ile	Arg	Ser	Asp	Gly	Leu	Pro	Ser		
			180					185					190				
gag	ctg	gtg	ccc	atg	acg	ttc	gca	ttc	acg	ggc	aac	ggc	aat	gtg	tca		624
Glu	Leu	Val	Pro	Met	Thr	Phe	Ala	Phe	Thr	Gly	Asn	Gly	Asn	Val	Ser		
			195				200					205					
aag	ggc	gcg	cag	gag	atc	ttc	aag	ctt	atg	ccc	cac	gag	atg	gtg	cat		672
Lys	Gly	Ala	Gln	Glu	Ile	Phe	Lys	Leu	Met	Pro	His	Glu	Met	Val	His		
			210			215						220					
ccg	tcg	gag	ctg	ccc	aag	cta	ccg	aag	aac	aac	cgt	att	ctg	tac	ggc		720
Pro	Ser	Glu	Leu	Pro	Lys	Leu	Pro	Lys	Asn	Asn	Arg	Ile	Leu	Tyr	Gly		
					230					235					240		
aca	gtg	atc	gac	aac	ccg	gac	tac	ttc	gtc	aag	ccc	cag	ccg	gga	ttc		768
Thr	Val	Ile	Asp	Asn	Pro	Asp	Tyr	Phe	Val	Lys	Pro	Gln	Pro	Gly	Phe		
				245					250					255			
agc	ggc	aca	ccc	tcc	cgc	gcg	cac	tac	tac	cag	aac	cca	cac	cag	tac		816
Ser	Gly	Thr	Pro	Ser	Arg	Ala	His	Tyr	Tyr	Gln	Asn	Pro	His	Gln	Tyr		
			260				265						270				
gag	cct	gct	ttc	cac	gag	aag	gtg	ctg	ccc	tac	acg	tcc	atg	ctg	gtg		864
Glu	Pro	Ala	Phe	His	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Tyr	Thr	Ser	Met	Leu	Val		
			275				280						285				
aac	tgc	atg	tac	tgg	gac	gac	cgc	ttc	ccg	cgg	cta	gtc	acg	cga	gag		912
Asn	Cys	Met	Tyr	Trp	Asp	Asp	Arg	Phe	Pro	Arg	Leu	Val	Thr	Arg	Glu		
			290				295				300						
cag	atc	cga	gag	ctt	cga	ggc	tct	ggg	aac	cat	aag	ctg	ctg	ggg	atc		960
Gln	Ile	Arg	Glu	Leu	Arg	Gly	Ser	Gly	Asn	His	Lys	Leu	Leu	Gly	Ile		
					310					315					320		
gcg	gac	att	tcg	tgc	gat	att	ggc	ggc	agc	gtg	gag	ttc	ttg	gag	cgc		1008
Ala	Asp	Ile	Ser	Cys	Asp	Ile	Gly	Gly	Ser	Val	Glu	Phe	Leu	Glu	Arg		
				325					330					335			
gcc	acg	gag	atc	gaa	cga	cca	ttc	gct	ctg	tac	gat	gtc	gct	gaa	gac		1056
Ala	Thr	Glu	Ile	Glu	Arg	Pro	Phe	Ala	Leu	Tyr	Asp	Val	Ala	Glu	Asp		

ES 2 628 436 T3

gag caa ggc aat gaa gtg cac gtg gtg tcc ggt atc gag ggt gaa gtg Glu Gln Gly Asn Glu Val His Val Val Ser Gly Ile Glu Gly Glu Val 610 615 620	1872
aag ggg gtg atg cgc aaa atc tct cgc cgt aac att aag cct cac gtg Lys Gly Val Met Arg Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val 625 630 635 640	1920
gtg aac gta gct gag gac ggt gct ggc gtt gac aag ctc tgt gca gaa Val Asn Val Ala Glu Asp Gly Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu 645 650 655	1968
gcc gat tgt gtt gtg tca cta tta cca gct aca atg cac aca acc atc Ala Asp Cys Val Val Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile 660 665 670	2016
gcc cag cgt tgc atc caa cat gga acg cct ctc gtg act gca agc tac Ala Gln Arg Cys Ile Gln His Gly Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr 675 680 685	2064
gtg tct ccg gag atg aaa gag ttg gat gcc aaa gcc aag aaa gcc ggc Val Ser Pro Glu Met Lys Glu Leu Asp Ala Lys Ala Lys Lys Ala Gly 690 695 700	2112
att cca ata ctg tgt gaa att ggc ctt gat cct ggc atg gat cac atg Ile Pro Ile Leu Cys Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met 705 710 715 720	2160
agc gct atg aag gtc atc gac gaa gtg aag gct cac tcc gga aag atc Ser Ala Met Lys Val Ile Asp Glu Val Lys Ala His Ser Gly Lys Ile 725 730 735	2208
ctg tca ttt tca tcc gtg tgt ggt gga ctt cca gct cct gaa gct gct Leu Ser Phe Ser Ser Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala 740 745 750	2256
gac aac gcc att ggt tac aag ttc agc tgg agt ccg cgc ggc gtg ctt Asp Asn Ala Ile Gly Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu 755 760 765	2304
act gca gca ctg aac gcg gcg caa tac cgc aaa gac ggc aag atc gtc Thr Ala Ala Leu Asn Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Gly Lys Ile Val 770 775 780	2352
aac gtc gca ggc gaa gac ttg ctt aac agc agc gaa cct gtg aac ttc Asn Val Ala Gly Glu Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu Pro Val Asn Phe 785 790 795 800	2400
ttg cct gcg ttt aac atc gag cag atc ccg aac cgt gac tca ctg ccg Leu Pro Ala Phe Asn Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asp Ser Leu Pro 805 810 815	2448
tac ggc gag atc tac gtc att cct gag gcg cac tcg ctg tat cgt gga Tyr Gly Glu Ile Tyr Val Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly 820 825 830	2496
aca ctg cgc tac gga ggt tgt tgc cga atc ctg tac cag ctg cgc aag Thr Leu Arg Tyr Gly Gly Cys Cys Arg Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys 835 840 845	2544
ctt ggt ctc ttt gac atg gac ccg tcc aag ccc att cca gct acg tgg Leu Gly Leu Phe Asp Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp 850 855 860	2592

ES 2 628 436 T3

cca gac ctt atc tcc cag ctt ggt gga cac caa ggc ctt cgc gaa gac 2640
 Pro Asp Leu Ile Ser Gln Leu Gly Gly His Gln Gly Leu Arg Glu Asp
 865 870 875 880

gcc aat gga ttc ctt caa tgg ctc ggt gcc ttc gat cac agc act ccc 2688
 Ala Asn Gly Phe Leu Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp His Ser Thr Pro
 885 890 895

gta gtg cga gcc cca tcc atc ctc gac gca ttc tgc gca ctg ttg cag 2736
 Val Val Arg Ala Pro Ser Ile Leu Asp Ala Phe Cys Ala Leu Leu Gln
 900 905 910

gac aag tta tct tac caa cct gga gaa cgt gat atg gcc atc atg cac 2784
 Asp Lys Leu Ser Tyr Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His
 915 920 925

cat gaa ttc ggc atc gag tac gaa gac ggc aag aag gaa aag cgc acg 2832
 His Glu Phe Gly Ile Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Lys Glu Lys Arg Thr
 930 935 940

tca acg ttc gtg ggt tac ggc tcc gat aag ggc gac acc atc atg gct 2880
 Ser Thr Phe Val Gly Tyr Gly Ser Asp Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala
 945 950 955 960

aaa acc gtt ggg ttg agt gca gcg att ggt gtg cag ttg atc ttg cag 2928
 Lys Thr Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln
 965 970 975

gac gca gtc caa ggc cga ggc gtg ctt aca ccg acg acc cct gac atc 2976
 Asp Ala Val Gln Gly Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile
 980 985 990

tac ggg cca gcc ctc gcg cga ctt gag gtt gaa ggt gtt cgc ttc atc 3024
 Tyr Gly Pro Ala Leu Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile
 995 1000 1005

gaa aag acg ttc ccg cag cct taa 3048
 Glu Lys Thr Phe Pro Gln Pro
 1010 1015

<210> 28
 <211> 1015
 <212> PRT
 <213> *Phytophthora sojae*
 <400> 28

5

Met Thr Gly Lys Cys Val Gly Ile Val Arg Glu Val Tyr Asn Lys Trp
 1 5 10 15

Glu Arg Arg Ala Pro Leu Thr Pro Ala His Val Arg Glu Leu Val Gln
 20 25 30

Arg Gly Ile Gln Val Leu Val Gln Pro Ser Thr Ala Arg Val Phe Ser
 35 40 45

Asp Glu Gln Tyr Val Arg Ala Gly Ala Thr Leu Ser Glu Asp Leu Ala
 50 55 60

Pro Ala Asn Val Ile Val Gly Val Lys Gln Val Pro Glu Pro Ala Leu

10

ES 2 628 436 T3

Ala Thr Glu Ile Glu Arg Pro Phe Ala Leu Tyr Asp Val Ala Glu Asp
 340 345 350

Lys Met Arg Glu Asp Gly Asp Ser Arg Gly Leu Glu Gly Asp Asp Gly
 355 360 365

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

Ser Ser Gln Gln Phe Gly Asp Arg Leu Val Gly Tyr Val Thr Ala Leu
 385 390 395 400

Ser Ser Val Thr Ser Ser Asn Val Pro Leu His Glu Gln Lys Glu Leu
 405 410 415

Pro Ala Glu Leu Arg Gly Ala Cys Ile Ala Ser Lys Gly Val Leu Ala
 420 425 430

Pro Arg Tyr Glu Tyr Ile His Arg Met Arg Ala Glu Arg Glu Arg Ser
 435 440 445

Lys Gln Phe Lys Phe Leu Asp Ala Gln Gln Glu Val Ala Gly Ser Thr
 450 455 460

Cys Leu Leu Leu Glu Gly His Leu Phe Asp Thr Gly Leu Ile Asn Gln
 465 470 475 480

Val Leu Asn Leu Ile Glu Asp His Asp Gly Gly Phe His Leu Val Asp
 485 490 495

Cys Glu Val Arg Pro Asn Ile Ala Ala Gly Asp Ser Gly Phe Ser Thr
 500 505 510

Val Ser Asn Ala Ile Val Gln Val Ser Met Ser Asp Arg Ala Ala Leu
 515 520 525

Asp Asp Ile Ile Ala Lys Ile Arg Ser Leu Ala Asp Leu Thr Ser Gly
 530 535 540

Ala Lys Ala Ile Val Thr Glu Leu Pro Asp Leu Cys Gly Thr Asn Tyr
 545 550 555 560

Ser Lys Thr Arg Gly Ala Val Val Arg Lys Asp Ala Ala Ala Asn Thr
 565 570 575

Ala Ala Asp Val Ser Val Ser Ser Pro Lys Lys Arg Gln Ile Val Cys
 580 585 590

ES 2 628 436 T3

Phe Gly Ala Gly Leu Val Ala Ser Pro Leu Val Glu Tyr Leu Ser Arg
 595 600 605
 Glu Gln Gly Asn Glu Val His Val Val Ser Gly Ile Glu Gly Glu Val
 610 615 620
 Lys Gly Val Met Arg Lys Ile Ser Arg Arg Asn Ile Lys Pro His Val
 625 630 635 640
 Val Asn Val Ala Glu Asp Gly Ala Gly Val Asp Lys Leu Cys Ala Glu
 645 650 655
 Ala Asp Cys Val Val Ser Leu Leu Pro Ala Thr Met His Thr Thr Ile
 660 665 670
 Ala Gln Arg Cys Ile Gln His Gly Thr Pro Leu Val Thr Ala Ser Tyr
 675 680 685
 Val Ser Pro Glu Met Lys Glu Leu Asp Ala Lys Ala Lys Lys Ala Gly
 690 695 700
 Ile Pro Ile Leu Cys Glu Ile Gly Leu Asp Pro Gly Met Asp His Met
 705 710 715 720
 Ser Ala Met Lys Val Ile Asp Glu Val Lys Ala His Ser Gly Lys Ile
 725 730 735
 Leu Ser Phe Ser Ser Val Cys Gly Gly Leu Pro Ala Pro Glu Ala Ala
 740 745 750
 Asp Asn Ala Ile Gly Tyr Lys Phe Ser Trp Ser Pro Arg Gly Val Leu
 755 760 765
 Thr Ala Ala Leu Asn Ala Ala Gln Tyr Arg Lys Asp Gly Lys Ile Val
 770 775 780
 Asn Val Ala Gly Glu Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu Pro Val Asn Phe
 785 790 795 800
 Leu Pro Ala Phe Asn Ile Glu Gln Ile Pro Asn Arg Asp Ser Leu Pro
 805 810 815
 Tyr Gly Glu Ile Tyr Val Ile Pro Glu Ala His Ser Leu Tyr Arg Gly
 820 825 830
 Thr Leu Arg Tyr Gly Gly Cys Cys Arg Ile Leu Tyr Gln Leu Arg Lys
 835 840 845

ES 2 628 436 T3

Leu Gly Leu Phe Asp Met Asp Pro Ser Lys Pro Ile Pro Ala Thr Trp
 850 855 860
 Pro Asp Leu Ile Ser Gln Leu Gly Gly His Gln Gly Leu Arg Glu Asp
 865 870 875 880
 Ala Asn Gly Phe Leu Gln Trp Leu Gly Ala Phe Asp His Ser Thr Pro
 885 890 895
 Val Val Arg Ala Pro Ser Ile Leu Asp Ala Phe Cys Ala Leu Leu Gln
 900 905 910
 Asp Lys Leu Ser Tyr Gln Pro Gly Glu Arg Asp Met Ala Ile Met His
 915 920 925
 His Glu Phe Gly Ile Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Lys Glu Lys Arg Thr
 930 935 940
 Ser Thr Phe Val Gly Tyr Gly Ser Asp Lys Gly Asp Thr Ile Met Ala
 945 950 955 960
 Lys Thr Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Gly Val Gln Leu Ile Leu Gln
 965 970 975
 Asp Ala Val Gln Gly Arg Gly Val Leu Thr Pro Thr Thr Pro Asp Ile
 980 985 990
 Tyr Gly Pro Ala Leu Ala Arg Leu Glu Val Glu Gly Val Arg Phe Ile
 995 1000 1005
 Glu Lys Thr Phe Pro Gln Pro
 1010 1015

- <210> 29
- <211> 1164
- 5 <212> ADN
- <213> *Pyrenophora tritici-repentis*
- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1)..(1164)
- <223> Lys1
- <400> 29

ES 2 628 436 T3

atg gct ttc ccc aca cta cat gcc cgc gca gag gct aaa cct ctt gaa	48
Met Ala Phe Pro Thr Leu His Ala Arg Ala Glu Ala Lys Pro Leu Glu	
1 5 10 15	
cac cgc tcg tgt ctc aca ccc aca acc gca aag aag ctg ctc gat gct	96
His Arg Ser Cys Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Lys Leu Leu Asp Ala	
20 25 30	
ggc tac cct gtc ctc gtc gag cgc tcg ccc aag gac ccc aac tac gcc	144

ES 2 628 436 T3

Gly Tyr Pro Val Leu Val Glu Arg Ser Pro Lys Asp Pro Asn Tyr Ala	
35 40 45	
cgt atc ttc aaa gac gac gag ttc gag gag gta ggc gcg acg ctc atc	192
Arg Ile Phe Lys Asp Asp Glu Phe Glu Glu Val Gly Ala Thr Leu Ile	
50 55 60	
gag gaa ggc gca tac aag acg gcc ccc aag gac cgc atc atc atc ggc	240
Glu Glu Gly Ala Tyr Lys Thr Ala Pro Lys Asp Arg Ile Ile Ile Gly	
65 70 75 80	
cta aag gag ctg cca gag gac aag ttc ccg ctc gag cac aca ttc gta	288
Leu Lys Glu Leu Pro Glu Asp Lys Phe Pro Leu Glu His Thr Phe Val	
85 90 95	
cac ttt gca cat tgc tac aag cag caa ggc gga tgg gaa aac gta ttg	336
His Phe Ala His Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Glu Asn Val Leu	
100 105 110	
gcg agg ttc ccc cgt ggc ggt ggc aca ttg tat gac ctc gag ttc ctg	384
Ala Arg Phe Pro Arg Gly Gly Gly Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu	
115 120 125	
caa gat gag tca ggc agg cgc gtt gct gcc ttt ggc tac cac gcc ggt	432
Gln Asp Glu Ser Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly	
130 135 140	
ttc gtc ggc gct gct ctt gcc atc aag aca tgg gct tgg caa ctc acc	480
Phe Val Gly Ala Ala Leu Ala Ile Lys Thr Trp Ala Trp Gln Leu Thr	
145 150 155 160	
cat ccc aac ggc gag ccc ctt cct ggt cta gag acc ttc act gag gga	528
His Pro Asn Gly Glu Pro Leu Pro Gly Leu Glu Thr Phe Thr Glu Gly	
165 170 175	
cgc ggc tac tac aac aac gag agc gag ttg att acc caa ctc aag gaa	576
Arg Gly Tyr Tyr Asn Asn Glu Ser Glu Leu Ile Thr Gln Leu Lys Glu	
180 185 190	
gat gtc gca gcc ggc gaa aag atc gca gga cac aag ccc agc agt ctg	624
Asp Val Ala Ala Gly Glu Lys Ile Ala Gly His Lys Pro Ser Ser Leu	
195 200 205	
gtg cta ggt gct ctc ggc cgc tgc ggc tct ggt gcc gtc gac ctc ctt	672
Val Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly Ala Val Asp Leu Leu	
210 215 220	
gag aag att ggc tgc cct gag atc aag aag tgg gat ctt gcc gag acc	720
Glu Lys Ile Gly Cys Pro Glu Ile Lys Lys Trp Asp Leu Ala Glu Thr	
225 230 235 240	
aag gag cgc gac ggc cca tac ccc gaa att gtc gaa tct gac atc ttc	768
Lys Glu Arg Asp Gly Pro Tyr Pro Glu Ile Val Glu Ser Asp Ile Phe	
245 250 255	
gtc aac tgc atc tac ctt tcc aag ccc atc ccg cct ttt gtc aac aag	816
Val Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Lys Pro Ile Pro Pro Phe Val Asn Lys	
260 265 270	
gag agt ctc aag tcg cca aac cgc aga ctc agc gtc gtt tgc gat gtc	864
Glu Ser Leu Lys Ser Pro Asn Arg Arg Leu Ser Val Val Cys Asp Val	
275 280 285	
agc tgt gac act act aac cct cat aac ccc att ccc atc tac gat atc	912
Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Ile	

ES 2 628 436 T3

290	295	300	
aac acc acc ttt gac aag ccc aca gtt gag gtt tct gtc gag ggt gac			960
Asn Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Glu Val Ser Val Glu Gly Asp			
305	310	315	320
ggt cct aga cta tct gtc atc tcc att gac cac ctt ccc tct gcg ttg			1008
Gly Pro Arg Leu Ser Ser Glu Ala Phe Ser Ile Asp His Leu Pro Ser Ala Leu			
	325	330	335
cct cgt gag tct tca gaa gcc ttt agc aac gct ctg ctg cct agc ttg			1056
Pro Arg Glu Ser Ser Glu Ala Phe Ser Asn Ala Leu Leu Pro Ser Leu			
	340	345	350
atg gct ctg aag gac cgc gcg aca acg cct gtg tgg cag ggt gct gag			1104
Met Ala Leu Lys Asp Arg Ala Thr Thr Pro Val Trp Gln Gly Ala Glu			
	355	360	365
aag ctc ttc caa gag aag gtt cag acg ctg ccg ggt ggt gtc ccc gca			1152
Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Gln Thr Leu Pro Gly Gly Val Pro Ala			
	370	375	380
aag gag gta tag			1164
Lys Glu Val			
385			

5
 <210> 30
 <211> 387
 <212> PRT
 <213> *Pyrenophora tritici-repentis*
 <400> 30

ES 2 628 436 T3

Met Ala Phe Pro Thr Leu His Ala Arg Ala Glu Ala Lys Pro Leu Glu
 1 5 10 15

His Arg Ser Cys Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Lys Leu Leu Asp Ala
 20 25 30

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

Arg Ile Phe Lys Asp Asp Glu Phe Glu Glu Val Gly Ala Thr Leu Ile
 50 55 60

Glu Glu Gly Ala Tyr Lys Thr Ala Pro Lys Asp Arg Ile Ile Ile Gly
 65 70 75 80

Leu Lys Glu Leu Pro Glu Asp Lys Phe Pro Leu Glu His Thr Phe Val
 85 90 95

His Phe Ala His Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Glu Asn Val Leu
 100 105 110

Ala Arg Phe Pro Arg Gly Gly Gly Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
 115 120 125

ES 2 628 436 T3

Gln Asp Glu Ser Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly
 130 135 140

Phe Val Gly Ala Ala Leu Ala Ile Lys Thr Trp Ala Trp Gln Leu Thr
 145 150 155 160

His Pro Asn Gly Glu Pro Leu Pro Gly Leu Glu Thr Phe Thr Glu Gly
 165 170 175

Arg Gly Tyr Tyr Asn Asn Glu Ser Glu Leu Ile Thr Gln Leu Lys Glu
 180 185 190

Asp Val Ala Ala Gly Glu Lys Ile Ala Gly His Lys Pro Ser Ser Leu
 195 200 205

Val Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly Ala Val Asp Leu Leu
 210 215 220

Glu Lys Ile Gly Cys Pro Glu Ile Lys Lys Trp Asp Leu Ala Glu Thr
 225 230 235 240

Lys Glu Arg Asp Gly Pro Tyr Pro Glu Ile Val Glu Ser Asp Ile Phe
 245 250 255

Val Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Lys Pro Ile Pro Pro Phe Val Asn Lys
 260 265 270

Glu Ser Leu Lys Ser Pro Asn Arg Arg Leu Ser Val Val Cys Asp Val
 275 280 285

Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Asp Ile
 290 295 300

Asn Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Glu Val Ser Val Glu Gly Asp
 305 310 315 320

Gly Pro Arg Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Ser Ala Leu
 325 330 335

Pro Arg Glu Ser Ser Glu Ala Phe Ser Asn Ala Leu Leu Pro Ser Leu
 340 345 350

Met Ala Leu Lys Asp Arg Ala Thr Thr Pro Val Trp Gln Gly Ala Glu
 355 360 365

Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Gln Thr Leu Pro Gly Gly Val Pro Ala
 370 375 380

ES 2 628 436 T3

Lys Glu Val
385

5 <210> 31
<211> 1119
<212> ADN
<213> *Sclerotinia sclerotiorum*

10 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(1119)
<223> Lys1

<400> 31

atg tct gga act act ctt cac cta cgt tct gag ttg gga aaa gct ctt	48
Met Ser Gly Thr Thr Leu His Leu Arg Ser Glu Leu Gly Lys Ala Leu	
1 5 10 15	
gag cat aga tca gct ctt acc ccc act aca gcc aaa gct ctc atc gat	96
Glu His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Ala Leu Ile Asp	
20 25 30	
gct gga tac aca att aat gtc gag cgc agc oca gaa cgt ata ttc gac	144
Ala Gly Tyr Thr Ile Asn Val Glu Arg Ser Pro Glu Arg Ile Phe Asp	
35 40 45	
gat gag gag ttc gag aag gtt gga gct act ctc gtg cca gaa gat aca	192
Asp Glu Glu Phe Glu Lys Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Asp Thr	
50 55 60	
tgg aga caa gca cca aag gat cat att att att ggt ttg aag gaa cta	240
Trp Arg Gln Ala Pro Lys Asp His Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu Leu	
65 70 75 80	
cct gtc gaa gac ttt ccc ctc gag cat gtc cac gta caa ttc gca cac	288
Pro Val Glu Asp Phe Pro Leu Glu His Val His Val Gln Phe Ala His	
85 90 95	
tgt tac aaa caa caa ggt ggc tgg gac acc gtt cta tca cga ttt cct	336
Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Asp Thr Val Leu Ser Arg Phe Pro	
100 105 110	
cgc ggc ggc gga act ctc tta gat ctc gaa ttt ttg aca gac gat aaa	384
Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Asp Lys	
115 120 125	
ggc aga aga gtt gca gct ttc gga tac cac gct gga ttt gct ggt gca	432
Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly Ala	
130 135 140	
gca ttg gca ctc gaa act tgg gca tgg caa ctc act cat tca gca tca	480
Ala Leu Ala Leu Glu Thr Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Ser Ala Ser	
145 150 155 160	
gag cca ttc cca agc gta tca agc tat cct aac gaa gat gag ttg att	528
Glu Pro Phe Pro Ser Val Ser Ser Tyr Pro Asn Glu Asp Glu Leu Ile	
165 170 175	
gcc gac gta aag aaa gca atc gca gct gga caa gaa aag aca ggc aag	576
Ala Asp Val Lys Lys Ala Ile Ala Ala Gly Gln Glu Lys Thr Gly Lys	
180 185 190	
gca cca cga gtt ttg gtt atc gga gca ttg ggc aga tgt gga agt gga	624

15

ES 2 628 436 T3

Ala Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly	
195 200 205	
gca gtt gat ctc tgc ttg aga gcc ggt gtg cca acc gag aat gtc ttg	672
Ala Val Asp Leu Cys Leu Arg Ala Gly Val Pro Thr Glu Asn Val Leu	
210 215 220	
aag tgg gat atg gca gag act gcc aag gga gga cca ttt cca gag att	720
Lys Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Ile	
225 230 235 240	
gtc gag agt gac atc ttc att aac tgc ata tac ctc atg tcc aag att	768
Val Glu Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Met Ser Lys Ile	
245 250 255	
ccg aac ttt gtc gac atg caa agc ctc gat acc cca aac cgc aaa ttg	816
Pro Asn Phe Val Asp Met Gln Ser Leu Asp Thr Pro Asn Arg Lys Leu	
260 265 270	
tca gtc gtc tgc gac gtc agt gct gat acc aca aat ccc aac aat cca	864
Ser Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn Asn Pro	
275 280 285	
att cca atc tat acc gtt gcg acc aca ttt tca gag cca act gtc cca	912
Ile Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Ser Glu Pro Thr Val Pro	
290 295 300	
gtc gag gtc aag gga gac ccc aga cta agc gtc atc agc att gat cac	960
Val Glu Val Lys Gly Asp Pro Arg Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His	
305 310 315 320	
tta cca agt cta ttg cca aga gaa gca agc gag gca ttc agc aag gac	1008
Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Lys Asp	
325 330 335	
ttg cta cca agt ttg ttg aca tta aag gac tgg aga agt act cca gtc	1056
Leu Leu Pro Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Trp Arg Ser Thr Pro Val	
340 345 350	
tgg gcg aag gcc gag aag ttg ttt cag gag aag gtt gcc aca ttg cct	1104
Trp Ala Lys Ala Glu Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro	
355 360 365	
aag aag gag gca tga	1119
Lys Lys Glu Ala	
370	

<210> 32
 <211> 372
 <212> PRT
 <213> *Sclerotinia sclerotiorum*
 <400> 32

5

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

10

ES 2 628 436 T3

Asp Glu Glu Phe Glu Lys Val Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Asp Thr
 50 55 60

Trp Arg Gln Ala Pro Lys Asp His Ile Ile Ile Gly Leu Lys Glu Leu
 65 70 75 80

Pro Val Glu Asp Phe Pro Leu Glu His Val His Val Gln Phe Ala His
 85 90 95

Cys Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Asp Thr Val Leu Ser Arg Phe Pro
 100 105 110

Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Thr Asp Asp Lys
 115 120 125

Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly Ala
 130 135 140

Ala Leu Ala Leu Glu Thr Trp Ala Trp Gln Leu Thr His Ser Ala Ser
 145 150 155 160

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

Ala Asp Val Lys Lys Ala Ile Ala Ala Gly Gln Glu Lys Thr Gly Lys
 180 185 190

Ala Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Ser Gly
 195 200 205

Ala Val Asp Leu Cys Leu Arg Ala Gly Val Pro Thr Glu Asn Val Leu
 210 215 220

Lys Trp Asp Met Ala Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe Pro Glu Ile
 225 230 235 240

Val Glu Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Ile Tyr Leu Met Ser Lys Ile
 245 250 255

Pro Asn Phe Val Asp Met Gln Ser Leu Asp Thr Pro Asn Arg Lys Leu
 260 265 270

Ser Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn Asn Pro
 275 280 285

Ile Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Ser Glu Pro Thr Val Pro
 290 295 300

Val Glu Val Lys Gly Asp Pro Arg Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His
 305 310 315 320

Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Lys Asp
 325 330 335

Leu Leu Pro Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Trp Arg Ser Thr Pro Val
 340 345 350

Trp Ala Lys Ala Glu Lys Leu Phe Gln Glu Lys Val Ala Thr Leu Pro
 355 360 365

Lys Lys Glu Ala
 370

<210> 33
 <211> 1170
 <212> ADN
 <213> *Trichoderma reesei*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1170)
 <223> Lys1

<400> 33

ggt caa cta ttt tcc ccc tca tta tca tac cac aaa aaa caa caa caa	48
Val Gln Leu Phe Ser Pro Ser Leu Ser Tyr His Lys Lys Gln Gln Gln	
1 5 10 15	
tca att cgt gcc aaa atg cct acc gtc atc cat ctg aga gcc gat acc	96
Ser Ile Arg Ala Lys Met Pro Thr Val Ile His Leu Arg Ala Asp Thr	
20 25 30	
aag ccg ttt gag cgt cgc tcg ccg ctg tcc ccc cca acc gcc aag gcc	144
Lys Pro Phe Glu Arg Arg Ser Pro Leu Ser Pro Pro Thr Ala Lys Ala	
35 40 45	
ctc ctc gac gct ggc tac gtc gtc cgc gtt gag cga tot tca gag cgc	192
Leu Leu Asp Ala Gly Tyr Val Val Arg Val Glu Arg Ser Ser Glu Arg	
50 55 60	
atc tac aag gac gaa gag ttc gag gcc gtt ggc gcc gaa ttg gtc cct	240
Ile Tyr Lys Asp Glu Glu Phe Glu Ala Val Gly Ala Glu Leu Val Pro	
65 70 75 80	
gcc gga tca tgg atc aag gct ccc aag gag gac atc atc ctg ggc ctc	288
Ala Gly Ser Trp Ile Lys Ala Pro Lys Glu Asp Ile Ile Leu Gly Leu	
85 90 95	
aag gag ctg ccc gac gac gac att gac ctg cct cac aca tac atc cac	336
Lys Glu Leu Pro Asp Asp Asp Ile Asp Leu Pro His Thr Tyr Ile His	
100 105 110	
ttc cag cac atc ttc aag aag cag ctc gcc tgg gcg ccc tcc ctg aag	384
Phe Gln His Ile Phe Lys Lys Gln Leu Gly Trp Ala Pro Ser Leu Lys	
115 120 125	

5

10

15

ES 2 628 436 T3

cgc ttt gct cgc gcc ggc ggc acg ctc tac gac ctg gaa ttc ctg act 432
 Arg Phe Ala Arg Ala Gly Gly Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Thr
 130 135 140
 gag gag aac ggc cgc aga atc gcg gcc ttt ggc tac ttt gct gga tat 480
 Glu Glu Asn Gly Arg Arg Ile Ala Ala Phe Gly Tyr Phe Ala Gly Tyr
 145 150 155 160
 gcc gcc gcc gcc att gcc ttc atc tcg tgg gct cac cag atc ctc aac 528
 Ala Gly Ala Ala Ile Ala Phe Ile Ser Trp Ala His Gln Ile Leu Asn
 165 170 175
 ccc gcc gtc ccc cag ccc ccg gtg cct ctg ttc gac agc gcg cct gct 576
 Pro Gly Val Pro Gln Pro Pro Val Pro Leu Phe Asp Ser Ala Pro Ala
 180 185 190
 ctg gtc gcg cat gtc aag gct gcg ctc gag ccc gcg att cgt gcc aac 624
 Leu Val Ala His Val Lys Ala Ala Leu Glu Pro Ala Ile Arg Ala Asn
 195 200 205
 aac gcc caa ctt ccc cgc gtc att gtg att gcc gct ctg gga cga tgc 672
 Asn Gly Gln Leu Pro Arg Val Ile Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys
 210 215 220
 gcc aag gga gcc gtg gac ttt tgc cgc gag gtt ggt ctt cct gag gac 720
 Gly Lys Gly Ala Val Asp Phe Cys Arg Glu Val Gly Leu Pro Glu Asp
 225 230 235 240
 tcc atc ctc aag tgg gat atg cag gag act gcc aag gga ggg cct ttc 768
 Ser Ile Leu Lys Trp Asp Met Gln Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe
 245 250 255
 gag gaa atc acc act tcc gac atc ttc atc aac tgc gtc tac ctt ggc 816
 Glu Glu Ile Thr Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Val Tyr Leu Gly
 260 265 270
 cct act ccc act cct ccc ttt gtc aca ttc gaa tcg ctt gcg acc cca 864
 Pro Thr Pro Thr Pro Pro Phe Val Thr Phe Glu Ser Leu Ala Thr Pro
 275 280 285
 gag aga cga ctc cgc gtc att gcc gat atc tcg tgt gat ccc aac agc 912
 Glu Arg Arg Leu Arg Val Ile Ala Asp Ile Ser Cys Asp Pro Asn Ser
 290 295 300
 gag aac aac ccg atc ccc ttg tac tcc acc tgg tcc agc ttt gac aag 960
 Glu Asn Asn Pro Ile Pro Leu Tyr Ser Thr Trp Ser Ser Phe Asp Lys
 305 310 315 320
 ccc acg atc ccg aca tcc aag ccc gtt gac gcc cct gag ctg aga atc 1008
 Pro Thr Ile Pro Thr Ser Lys Pro Val Asp Gly Pro Glu Leu Arg Ile
 325 330 335
 att gcc atc gac cac ctc ccc acc ttg att gcc cgc gag tcc agc gat 1056
 Ile Ala Ile Asp His Leu Pro Thr Leu Ile Ala Arg Glu Ser Ser Asp
 340 345 350
 gag tac tct ggc ctg ctg ctg ccg gcc ctg ctc act ctg gac aag cgg 1104
 Glu Tyr Ser Gly Leu Leu Leu Pro Ala Leu Leu Thr Leu Asp Lys Arg
 355 360 365
 gat act gag ggt gtc tgg acg aga gcg gag aag aca tac aag gac aga 1152
 Asp Thr Glu Gly Val Trp Thr Arg Ala Glu Lys Thr Tyr Lys Asp Arg
 370 375 380
 gtg gct gag ctg cct tag 1170

ES 2 628 436 T3

Val Ala Glu Leu Pro
385

5 <210> 34
<211> 389
<212> PRT
<213> *Trichoderma reesei*

<400> 34

ES 2 628 436 T3

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

ES 2 628 436 T3

Gly Lys Gly Ala Val Asp Phe Cys Arg Glu Val Gly Leu Pro Glu Asp
 225 230 235 240

Ser Ile Leu Lys Trp Asp Met Gln Glu Thr Ala Lys Gly Gly Pro Phe
 245 250 255

Glu Glu Ile Thr Thr Ser Asp Ile Phe Ile Asn Cys Val Tyr Leu Gly
 260 265 270

Pro Thr Pro Thr Pro Pro Phe Val Thr Phe Glu Ser Leu Ala Thr Pro
 275 280 285

Glu Arg Arg Leu Arg Val Ile Ala Asp Ile Ser Cys Asp Pro Asn Ser
 290 295 300

Glu Asn Asn Pro Ile Pro Leu Tyr Ser Thr Trp Ser Ser Phe Asp Lys
 305 310 315 320

Pro Thr Ile Pro Thr Ser Lys Pro Val Asp Gly Pro Glu Leu Arg Ile
 325 330 335

Ile Ala Ile Asp His Leu Pro Thr Leu Ile Ala Arg Glu Ser Ser Asp
 340 345 350

Glu Tyr Ser Gly Leu Leu Leu Pro Ala Leu Leu Thr Leu Asp Lys Arg
 355 360 365

Asp Thr Glu Gly Val Trp Thr Arg Ala Glu Lys Thr Tyr Lys Asp Arg
 370 375 380

Val Ala Glu Leu Pro
 385

<210> 35
 <211> 1173
 <212> ADN
 <213> *Ustilago maydis*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1173)
 <223> Lys1

<400> 35

atg tct aca agc cgc caa ccc ctc tac ctc cga tgc gag atg aag ccg 48
 Met Ser Thr Ser Arg Gln Pro Leu Tyr Leu Arg Cys Glu Met Lys Pro
 1 5 10 15

gcc gag cac cgt gcc gcg ctc acc cca acc acc gcc aag gca ctc att 96
 Ala Glu His Arg Ala Ala Leu Thr Pro Thr Thr Ala Lys Ala Leu Ile
 20 25 30

5

10

15

ES 2 628 436 T3

gac gct ggg ttc gac atc acg gtc gag tcc gac cct caa cgt atc ttt Asp Ala Gly Phe Asp Ile Thr Val Glu Ser Asp Pro Gln Arg Ile Phe 35 40 45	144
gac gac aaa gag tac acc gag gta ggg tgc aag ctt gcc cct cac aac Asp Asp Lys Glu Tyr Thr Glu Val Gly Cys Lys Leu Ala Pro His Asn 50 55 60	192
acg ttt cac tcc ctg ccc gcc gac atc ccc atc atc ggt ctc aag gag Thr Phe His Ser Leu Pro Ala Asp Ile Pro Ile Ile Gly Leu Lys Glu 65 70 75 80	240
ctt gag gag cct ggt ccg gat ctg cct cac acc cac att cag ttt gct Leu Glu Glu Pro Gly Pro Asp Leu Pro His Thr His Ile Gln Phe Ala 85 90 95	288
cac tgc tac aag aag cag gcc ggt tgg gcg gat gtt ctg ggt cga ttc His Cys Tyr Lys Lys Gln Ala Gly Trp Ala Asp Val Leu Gly Arg Phe 100 105 110	336
aag cgc gga ggc gga aag ctc tac gat ttg gag ttt ttg gag gac aag Lys Arg Gly Gly Gly Lys Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Glu Asp Lys 115 120 125	384
aac ggc cgt cgt gta gcc gcg ttt ggt tgg cac gcc ggc ttt gca ggc Asn Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Trp His Ala Gly Phe Ala Gly 130 135 140	432
gct gca ctt ggt ctg ttg gct ttg gct gaa cag gtg caa ggt gaa gac Ala Ala Leu Gly Leu Leu Ala Leu Ala Glu Gln Val Gln Gly Glu Asp 145 150 155 160	480
caa agg ctg ggt gct caa aag gct tac ccc aac gag cag gcg ctc atc Gln Arg Leu Gly Ala Gln Lys Ala Tyr Pro Asn Glu Gln Ala Leu Ile 165 170 175	528
gca cac gcc aag cag cag att gag ttc atc aag aaa tcg cgc tcg gac Ala His Ala Lys Gln Gln Ile Glu Phe Ile Lys Lys Ser Arg Ser Asp 180 185 190	576
ggc aaa gtg aag gcg ctc gtc gtc gga gct ttg gga cga tgt ggt cgt Gly Lys Val Lys Ala Leu Val Val Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg 195 200 205	624
gga gcc att gac ttt ttc gaa aag gcc ggc gtc gct tct gag gac att Gly Ala Ile Asp Phe Phe Glu Lys Ala Gly Val Ala Ser Glu Asp Ile 210 215 220	672
gtc cgc tgg gac atc cag gag acc tca gcc aag cac ggt ccc tac caa Val Arg Trp Asp Ile Gln Glu Thr Ser Ala Lys His Gly Pro Tyr Gln 225 230 235 240	720
gag ctg ctc gac gta gac atc ttt gtc aac tgc atc tac ctc acc tct Glu Leu Leu Asp Val Asp Ile Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Thr Ser 245 250 255	768
aaa atc ccg cct ttc ctc gac caa cct acg atc caa gcc gct ggt ccc Lys Ile Pro Pro Phe Leu Asp Gln Pro Thr Ile Gln Ala Ala Gly Pro 260 265 270	816
tcg cgt cgt ctc ggc gtc gtc gtc gac gta tcg tgc gac act acc aac Ser Arg Arg Leu Gly Val Val Val Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn 275 280 285	864

ES 2 628 436 T3

ccc aac aac cct ctc ccc atc tac gac atc aac acc acc ttt gac aaa	912
Pro Asn Asn Pro Leu Pro Ile Tyr Asp Ile Asn Thr Thr Phe Asp Lys	
290 295 300	
cct acc gtc gac gtc aac acg ggc aaa ggt aac ccg agc ttg acc gtc	960
Pro Thr Val Asp Val Asn Thr Gly Lys Gly Asn Pro Ser Leu Thr Val	
305 310 315 320	
atc tcg atc gac cat ctg ccc act ctg ctg cct agg gag agc tcc gag	1008
Ile Ser Ile Asp His Leu Pro Thr Leu Leu Pro Arg Glu Ser Ser Glu	
325 330 335	
ggt ttc agc aac gac ctg ttg ccc agt ctg ttg cag ttg ccc tac gtg	1056
Gly Phe Ser Asn Asp Leu Leu Pro Ser Leu Leu Gln Leu Pro Tyr Val	
340 345 350	
ctc ggt aag gac acc acc aag ctc gac acg ttg gac gaa gga aag gga	1104
Leu Gly Lys Asp Thr Thr Lys Leu Asp Thr Leu Asp Glu Gly Lys Gly	
355 360 365	
gcc gtc tgg cag aga gcc gaa aag ctc ttc cat aag cac ttg gca gag	1152
Ala Val Trp Gln Arg Ala Glu Lys Leu Phe His Lys His Leu Ala Glu	
370 375 380	
gct gag cag cac aca gct tga	1173
Ala Glu Gln His Thr Ala	
385 390	

- 5
- <210> 36
 - <211> 390
 - <212> PRT
 - <213> *Ustilago maydis*
 - <400> 36

ES 2 628 436 T3

Ala Glu Gln His Thr Ala
385 390

5 <210> 37
<211> 1137
<212> ADN
<213> *Verticillium albo-atrum*

10 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(1137)
<223> Lys1

<400> 37

atg tct ggc atc acc cta cac ctc cgg tcc gag acc aag ccg ctg gag	48
Met Ser Gly Ile Thr Leu His Leu Arg Ser Glu Thr Lys Pro Leu Glu	
1 5 10 15	
cac cgc agt gct ctg acc ccc ttc acg gca tcc gag ctg atc aag gct	96
His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Phe Thr Ala Ser Glu Leu Ile Lys Ala	
20 25 30	
ggc tac acc ctc aat gtc gag cgc agc cct gtt cgc atc ttc gac gat	144
Gly Tyr Thr Leu Asn Val Glu Arg Ser Pro Val Arg Ile Phe Asp Asp	
35 40 45	
gcc gag ttc gag aag att ggc gcc acc ctc gtc ccc gag ggt agc tgg	192
Ala Glu Phe Glu Lys Ile Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Gly Ser Trp	
50 55 60	
acc gaa gcc ccc caa gac cac atc att gtt ggc ctc aag gag ctt ctt	240
Thr Glu Ala Pro Gln Asp His Ile Ile Val Gly Leu Lys Glu Leu Leu	
65 70 75 80	
gag gag gat ttc cct ctg aag cac gtt cac gtc cag ttt gcg cac tgc	288
Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys His Val His Val Gln Phe Ala His Cys	
85 90 95	
tac aag cag cag ggc ggg tgg gag aac gtc ctg gcc cgc ttc cct cgt	336
Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Glu Asn Val Leu Ala Arg Phe Pro Arg	
100 105 110	
ggt ggc ggc acc ctc tac gac ctc gaa ttc ctc gag aag gag gtc gcc	384
Gly Gly Gly Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Glu Lys Glu Val Ala	
115 120 125	
ccc ggc cgc ttt gcc cga gtc gcc gcc ttt ggc tgg agc gcc ggt ttc	432
Pro Gly Arg Phe Ala Arg Val Ala Ala Phe Gly Trp Ser Ala Gly Phe	
130 135 140	
tct ggt gct gct ctg gct ctc cag aac tgg gcc tgg cag ctc aac aac	480
Ser Gly Ala Ala Leu Ala Leu Gln Asn Trp Ala Trp Gln Leu Asn Asn	
145 150 155 160	
ccc ggc aag ccc ctg cct tcg gtc gag agc tat ccc aac gag gac gag	528
Pro Gly Lys Pro Leu Pro Ser Val Glu Ser Tyr Pro Asn Glu Asp Glu	
165 170 175	
ctc atc act gct gtc aag aag agc att gcc gag ggc aag gag aag gcc	576
Leu Ile Thr Ala Val Lys Lys Ser Ile Ala Glu Gly Lys Glu Lys Ala	
180 185 190	

15

ES 2 628 436 T3

ggc aag cta ccc cag gtc ctc gtg atc ggc gcc ctc ggc cgc tgc ggc 624
 Gly Lys Leu Pro Gln Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly
 195 200 205

agc ggt gcc gtc gag ctg tgc cgc cgc gtc ggc ctg ccc gag gag cag 672
 Ser Gly Ala Val Glu Leu Cys Arg Arg Val Gly Leu Pro Glu Glu Gln
 210 215 220

atc ctc aag tgg gat ctc gag gag acg aag aag ggc gcc ccc ttc acc 720
 Ile Leu Lys Trp Asp Leu Glu Glu Thr Lys Lys Gly Gly Pro Phe Thr
 225 230 235 240

gag att gtt gag agc gac atc ttt gtc aac tgc atc tac ctc aac agc 768
 Glu Ile Val Glu Ser Asp Ile Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Asn Ser
 245 250 255

aag att ccc aac ttt gtc gac ttt gag tct ctc aag tgc ccc aag agg 816
 Lys Ile Pro Asn Phe Val Asp Phe Glu Ser Leu Lys Ser Pro Lys Arg
 260 265 270

cag ctg tcc gtc gtc tgc gac gtc tct gct gac acc acc aac ccc aac 864
 Gln Leu Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn
 275 280 285

aac cct gtc ccc atc tac acc gtc gcc aca acc ttc gac aag ccc aca 912
 Asn Pro Val Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr
 290 295 300

gtg ccc gtc gag gga ctc gag aac ccg ccc ctg agc gtc atc agc att 960
 Val Pro Val Glu Gly Leu Glu Asn Pro Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile
 305 310 315 320

gat cac ctt ccc agc ctc ctc ccc cgt gag gcc tcc gag acg tac agc 1008
 Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Thr Tyr Ser
 325 330 335

aag gac ctg ctg ccg tac ctg ctc acg ctg aag gac cgc aag acg gac 1056
 Lys Asp Leu Leu Pro Tyr Leu Leu Thr Leu Lys Asp Arg Lys Thr Asp
 340 345 350

ccc gtc tgg acg agg gct gag aag ctc ttc aac gac aag gtc gct acg 1104
 Pro Val Trp Thr Arg Ala Glu Lys Leu Phe Asn Asp Lys Val Ala Thr
 355 360 365

ctg ccg gcc gac ctg cag aag cct gct cag tga 1137
 Leu Pro Ala Asp Leu Gln Lys Pro Ala Gln
 370 375

<210> 38
 <211> 378
 <212> PRT
 <213> *Verticillium albo-atrum*
 <400> 38

5

Met Ser Gly Ile Thr Leu His Leu Arg Ser Glu Thr Lys Pro Leu Glu
 1 5 10 15

His Arg Ser Ala Leu Thr Pro Phe Thr Ala Ser Glu Leu Ile Lys Ala
 20 25 30

10

ES 2 628 436 T3

Gly Tyr Thr Leu Asn Val Glu Arg Ser Pro Val Arg Ile Phe Asp Asp
35 40 45

Ala Glu Phe Glu Lys Ile Gly Ala Thr Leu Val Pro Glu Gly Ser Trp
50 55 60

Thr Glu Ala Pro Gln Asp His Ile Ile Val Gly Leu Lys Glu Leu Leu
65 70 75 80

Glu Glu Asp Phe Pro Leu Lys His Val His Val Gln Phe Ala His Cys
85 90 95

Tyr Lys Gln Gln Gly Gly Trp Glu Asn Val Leu Ala Arg Phe Pro Arg
100 105 110

Gly Gly Gly Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu Glu Lys Glu Val Ala
115 120 125

Pro Gly Arg Phe Ala Arg Val Ala Ala Phe Gly Trp Ser Ala Gly Phe
130 135 140

Ser Gly Ala Ala Leu Ala Leu Gln Asn Trp Ala Trp Gln Leu Asn Asn
145 150 155 160

Pro Gly Lys Pro Leu Pro Ser Val Glu Ser Tyr Pro Asn Glu Asp Glu
165 170 175

Leu Ile Thr Ala Val Lys Lys Ser Ile Ala Glu Gly Lys Glu Lys Ala
180 185 190

Gly Lys Leu Pro Gln Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly
195 200 205

Ser Gly Ala Val Glu Leu Cys Arg Arg Val Gly Leu Pro Glu Glu Gln
210 215 220

Ile Leu Lys Trp Asp Leu Glu Glu Thr Lys Lys Gly Gly Pro Phe Thr
225 230 235 240

Glu Ile Val Glu Ser Asp Ile Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Asn Ser
245 250 255

Lys Ile Pro Asn Phe Val Asp Phe Glu Ser Leu Lys Ser Pro Lys Arg
260 265 270

Gln Leu Ser Val Val Cys Asp Val Ser Ala Asp Thr Thr Asn Pro Asn
275 280 285

Asn Pro Val Pro Ile Tyr Thr Val Ala Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr

ES 2 628 436 T3

290		295		300																	
Val	Pro	Val	Glu	Gly	Leu	Glu	Asn	Pro	Pro	Leu	Ser	Val	Ile	Ser	Ile						
305					310					315					320						
Asp	His	Leu	Pro	Ser	Leu	Leu	Pro	Arg	Glu	Ala	Ser	Glu	Thr	Tyr	Ser						
				325					330						335						
Lys	Asp	Leu	Leu	Pro	Tyr	Leu	Leu	Thr	Leu	Lys	Asp	Arg	Lys	Thr	Asp						
			340					345						350							
Pro	Val	Trp	Thr	Arg	Ala	Glu	Lys	Leu	Phe	Asn	Asp	Lys	Val	Ala	Thr						
		355					360					365									
Leu	Pro	Ala	Asp	Leu	Gln	Lys	Pro	Ala	Gln												
		370				375															

- <210> 39
- <211> 1125
- <212> ADN
- <213> *Mycosphaerella graminicola*

- <220>
- <221> CDS
- <222> (1)..(1125)
- <223> Lys1

- <400> 39

ES 2 628 436 T3

atg tct tct tca cca cta act ttg cac atc cgc gcg gaa acc aag ccc	48
Met Ser Ser Ser Pro Leu Thr Leu His Ile Arg Ala Glu Thr Lys Pro	
1 5 10 15	
ctc gaa cat cgc acc gct gtt ccg ccc aag gtt gcg agg aaa ctt gtc	96
Leu Glu His Arg Thr Ala Val Pro Pro Lys Val Ala Arg Lys Leu Val	
20 25 30	
gag gcg ggt tac gtg gtc aac gtc gag cgg agt cca ttg agc atc ttc	144
Glu Ala Gly Tyr Val Val Asn Val Glu Arg Ser Pro Leu Ser Ile Phe	
35 40 45	
ccg gac aac gag tac gaa gga aca gga gct acg ctt gtg ccg act ggt	192
Pro Asp Asn Glu Tyr Glu Gly Thr Gly Ala Thr Leu Val Pro Thr Gly	
50 55 60	
tct tgg acg gaa gca ccc aag gac cat atc gtt gtg gga ttg aag gag	240
Ser Trp Thr Glu Ala Pro Lys Asp His Ile Val Val Gly Leu Lys Glu	
65 70 75 80	
ttg ccg gag gag gat ttc gcg ttg gtg cat acg cat gtt cag ttc gca	288
Leu Pro Glu Glu Asp Phe Ala Leu Val His Thr His Val Gln Phe Ala	
85 90 95	
cat tgc tat aag aat cag ggc gga tgg gag aaa gtc ttg agt cga ttc	336
His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu Ser Arg Phe	
100 105 110	
ccg aga ggt gga ggg acg ctg ctt gac ttg gag ttc ctc gaa gat gag	384
Pro Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Glu Asp Glu	

ES 2 628 436 T3

115	120	125	
caa gga cga cga gtt gcg gct ttc ggc tac cac gcc gga ttc gca gga Gln Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly 130 135 140			432
gca gct ctc tcc ctc atc aca tgg gcc tgg caa ctc gag cac ggc acc Ala Ala Leu Ser Leu Ile Thr Trp Ala Trp Gln Leu Glu His Gly Thr 145 150 155 160			480
tcc aag ccc gtg cct gga gtc acc gcc tac gag aac gaa aca ctc ctc Ser Lys Pro Val Pro Gly Val Thr Ala Tyr Glu Asn Glu Thr Leu Leu 165 170 175			528
gtc aac gac gtg aag aaa gcc gtc gag aag ggc aag tcg atc gcc ggc Val Asn Asp Val Lys Lys Ala Val Glu Lys Gly Lys Ser Ile Ala Gly 180 185 190			576
cac ctt ccg cga gtt ctg gtc atc ggc gct ctc gga cgt tgt ggc cgt His Leu Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg 195 200 205			624
gga gcc gtc gac ctc tgc gtc aaa gct ggt ctg caa gac atc ctc aaa Gly Ala Val Asp Leu Cys Val Lys Ala Gly Leu Gln Asp Ile Leu Lys 210 215 220			672
tgg gac ctg caa gag acc aaa gcc aaa cca ggc ccc tac caa gaa atc Trp Asp Leu Gln Glu Thr Lys Ala Lys Pro Gly Pro Tyr Gln Glu Ile 225 230 235 240			720
atc gag tcc gac gtc ttt gta aac tgc atc tac ctc tcc gcc aaa atc Ile Glu Ser Asp Val Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Ala Lys Ile 245 250 255			768
cct cca ttc atc gac gca cct tcc ctc gcc tcc ccg acc cgc aaa ctc Pro Pro Phe Ile Asp Ala Pro Ser Leu Ala Ser Pro Thr Arg Lys Leu 260 265 270			816
agc gtc gtc tgt gac gtc tcc tgc gac acc acg aat cca cac aat ccg Ser Val Val Cys Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro 275 280 285			864
att ccg att tac tcc atc aat acg acg ttt gac aag ccc acc gtg cct Ile Pro Ile Tyr Ser Ile Asn Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Pro 290 295 300			912
gtg gaa ctg tcc tca gag gcg aac gat gtg ccg ttg agt gtg att agc Val Glu Leu Ser Ser Glu Ala Asn Asp Val Pro Leu Ser Val Ile Ser 305 310 315 320			960
atc gac cac ttg ccg agt ttg ttg ccg aga gag gcg agc gag gca ttc Ile Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe 325 330 335			1008
agc gag gca ttg ttg ccg agt ttg ttg gag ttg aag gag agg aag acg Ser Glu Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Glu Leu Lys Glu Arg Lys Thr 340 345 350			1056
gcg cgg gtg tgg agg cag gcg gag aag ttg ttc gag gac aag gtg gct Ala Arg Val Trp Arg Gln Ala Glu Lys Leu Phe Glu Asp Lys Val Ala 355 360 365			1104
agt ctg ccg aag ggt tcg tac Ser Leu Pro Lys Gly Ser Tyr 370 375			1125

<210> 40
 <211> 375
 <212> PRT

ES 2 628 436 T3

<213> *Mycosphaerella graminicola*

<400> 40

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

Leu Glu His Arg Thr Ala Val Pro Pro Lys Val Ala Arg Lys Leu Val
 20 25 30

Glu Ala Gly Tyr Val Val Asn Val Glu Arg Ser Pro Leu Ser Ile Phe
 35 40 45

Pro Asp Asn Glu Tyr Glu Gly Thr Gly Ala Thr Leu Val Pro Thr Gly
 50 55 60

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

Leu Pro Glu Glu Asp Phe Ala Leu Val His Thr His Val Gln Phe Ala
 85 90 95

His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Lys Val Leu Ser Arg Phe
 100 105 110

Pro Arg Gly Gly Gly Thr Leu Leu Asp Leu Glu Phe Leu Glu Asp Glu
 115 120 125

Gln Gly Arg Arg Val Ala Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly Phe Ala Gly
 130 135 140

Ala Ala Leu Ser Leu Ile Thr Trp Ala Trp Gln Leu Glu His Gly Thr
 145 150 155 160

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

Val Asn Asp Val Lys Lys Ala Val Glu Lys Gly Lys Ser Ile Ala Gly
 180 185 190

His Leu Pro Arg Val Leu Val Ile Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg
 195 200 205

Gly Ala Val Asp Leu Cys Val Lys Ala Gly Leu Gln Asp Ile Leu Lys
 210 215 220

ES 2 628 436 T3

Trp Asp Leu Gln Glu Thr Lys Ala Lys Pro Gly Pro Tyr Gln Glu Ile
 225 230 235 240

Ile Glu Ser Asp Val Phe Val Asn Cys Ile Tyr Leu Ser Ala Lys Ile
 245 250 255

Pro Pro Phe Ile Asp Ala Pro Ser Leu Ala Ser Pro Thr Arg Lys Leu
 260 265 270

Ser Val Val Cys Asp Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro
 275 280 285

Ile Pro Ile Tyr Ser Ile Asn Thr Thr Phe Asp Lys Pro Thr Val Pro
 290 295 300

Val Glu Leu Ser Ser Glu Ala Asn Asp Val Pro Leu Ser Val Ile Ser
 305 310 315 320

Ile Asp His Leu Pro Ser Leu Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe
 325 330 335

Ser Glu Ala Leu Leu Pro Ser Leu Leu Glu Leu Lys Glu Arg Lys Thr
 340 345 350

Ala Arg Val Trp Arg Gln Ala Glu Lys Leu Phe Glu Asp Lys Val Ala
 355 360 365

Ser Leu Pro Lys Gly Ser Tyr
 370 375

- <210> 41
- <211> 1170
- 5 <212> ADN
- <213> *Fusarium moniliforme*
- <220>
- <221> CDS
- 10 <222> (1)..(1170)
- <223> Lys1
- <400> 41

ES 2 628 436 T3

Arg	Ile	Phe	Glu	Asp	Ser	Glu	Tyr	Glu	Ala	Ala	Gly	Ala	Arg	Leu	Val		
50						55					60						
gat	acg	ggt	gtc	tgg	ccc	aac	gct	gag	cct	gga	aca	atc	att	ctc	ggc	240	
Asp	Thr	Gly	Val	Trp	Pro	Asn	Ala	Glu	Pro	Gly	Thr	Ile	Ile	Leu	Gly		
65					70					75					80		
cta	aaa	gag	cta	cct	tct	gag	gac	ttc	ccg	ctc	aag	aat	gac	cac	att	288	
Leu	Lys	Glu	Leu	Pro	Ser	Glu	Asp	Phe	Pro	Leu	Lys	Asn	Asp	His	Ile		
				85					90					95			
aca	ttt	gca	cat	tgt	tac	aag	aac	caa	ggc	ggg	tgg	gag	cag	gtc	ctc	336	
Thr	Phe	Ala	His	Cys	Tyr	Lys	Asn	Gln	Gly	Gly	Trp	Glu	Gln	Val	Leu		
			100					105					110				
ggt	cgc	tgg	gca	cgc	ggt	ggc	agc	cgg	ctt	tac	gac	ctc	gag	ttt	ctt	384	
Gly	Arg	Trp	Ala	Arg	Gly	Gly	Ser	Arg	Leu	Tyr	Asp	Leu	Glu	Phe	Leu		
		115					120					125					
gtg	gac	gaa	caa	ggt	cgg	cgt	gtt	tct	gca	ttt	ggg	tac	cac	gcg	ggc	432	
Val	Asp	Glu	Gln	Gly	Arg	Arg	Val	Ser	Ala	Phe	Gly	Tyr	His	Ala	Gly		
		130				135						140					
ttc	gcc	ggt	gct	gcg	ctc	gga	atc	aag	aca	ctc	gct	cac	cag	ctg	cag	480	
Phe	Ala	Gly	Ala	Ala	Leu	Gly	Ile	Lys	Thr	Leu	Ala	His	Gln	Leu	Gln		
					150					155					160		
ggc	tcg	tcc	tct	aaa	ctt	cct	tct	gtc	gag	aca	ttc	act	gat	ggc	cgc	528	
Gly	Ser	Ser	Ser	Lys	Leu	Pro	Ser	Val	Glu	Thr	Phe	Thr	Asp	Gly	Arg		
				165					170					175			
gga	tat	tac	ttg	aac	gaa	gat	gag	ctc	gtc	aac	cag	att	cgt	gag	gat	576	
Gly	Tyr	Tyr	Leu	Asn	Glu	Asp	Glu	Leu	Val	Asn	Gln	Ile	Arg	Glu	Asp		
			180						185				190				
ctc	gct	aag	gct	gaa	aag	gct	ctc	gga	cgt	aag	ccc	act	gct	ctc	gtc	624	
Leu	Ala	Lys	Ala	Glu	Lys	Ala	Leu	Gly	Arg	Lys	Pro	Thr	Ala	Leu	Val		
		195						200				205					
ctt	ggt	gct	ctt	gga	cga	tgt	ggt	aag	ggt	gcc	gtg	gac	ctt	ttc	ctg	672	
Leu	Gly	Ala	Leu	Gly	Arg	Cys	Gly	Lys	Gly	Ala	Val	Asp	Leu	Phe	Leu		
		210				215						220					
aag	gcc	ggc	atg	cct	gat	gac	aac	att	acc	cgc	tgg	gac	ttg	aac	gag	720	
Lys	Ala	Gly	Met	Pro	Asp	Asp	Asn	Ile	Thr	Arg	Trp	Asp	Leu	Asn	Glu		
		225			230					235				240			
act	aag	gac	cgt	gat	ggc	cct	tac	gag	gag	atc	gcc	aag	gct	gat	gtc	768	
Thr	Lys	Asp	Arg	Asp	Gly	Pro	Tyr	Glu	Glu	Ile	Ala	Lys	Ala	Asp	Val		
				245					250					255			
ttc	ctc	aac	gcc	atc	tac	ctc	tcc	aag	ccc	att	ccc	cct	ttc	atc	aac	816	
Phe	Leu	Asn	Ala	Ile	Tyr	Leu	Ser	Lys	Pro	Ile	Pro	Pro	Phe	Ile	Asn		
			260					265					270				
caa	gaa	ctc	ctt	gcc	aag	caa	ggt	cgc	aac	ctc	gct	gtt	gtc	atc	gac	864	
Gln	Glu	Leu	Leu	Ala	Lys	Gln	Gly	Arg	Asn	Leu	Ala	Val	Val	Ile	Asp		
		275				280						285					
gtt	tct	tgt	gac	acc	aca	aac	cct	cac	aac	cct	atc	ccc	atc	tac	tcc	912	
Val	Ser	Cys	Asp	Thr	Thr	Asn	Pro	His	Asn	Pro	Ile	Pro	Ile	Tyr	Ser		
		290				295						300					
atc	aac	acc	acc	ttt	gag	gac	cca	acc	gtc	ccc	gtt	gag	atc	aag	gac	960	
Ile	Asn	Thr	Thr	Phe	Glu	Asp	Pro	Thr	Val	Pro	Val	Glu	Ile	Lys	Asp		

ES 2 628 436 T3

305		310		315		320	
gat cag aac aac ctc ccc cta tcc gtc atc agc att gat cac ctc cct							1008
Asp Gln Asn Asn Leu Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro							
		325		330		335	
tcc atg ctt ccc cgc gag gct agt gag gcc ttt agt gag ggt ctc aag							1056
Ser Met Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Glu Gly Leu Lys							
		340		345		350	
gag tct ctg ctc aca ctc aag gat cgc gag act tcg cgg gtg tgg act							1104
Glu Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Arg Glu Thr Ser Arg Val Trp Thr							
		355		360		365	
gat gct gag aag ctc ttc cat gag aag gtt gcc ctg ttg ccc gag gag							1152
Asp Ala Glu Lys Leu Phe His Glu Lys Val Ala Leu Leu Pro Glu Glu							
		370		375		380	
ttg aga acc aag agt gtt							1170
Leu Arg Thr Lys Ser Val							
		385		390			

5

- <210> 42
- <211> 390
- <212> PRT
- <213> *Fusarium moniliforme*
- <400> 42

ES 2 628 436 T3

Met Ser Asp Tyr Pro His Ile Leu Leu Arg Ala Glu Glu Lys Pro Leu
 1 5 10 15

Glu His Arg Ser Phe Ser Pro Ala Ile Ile Lys Thr Leu Val Asp Ala
 20 25 30

Gly Tyr Pro Ile Ser Val Glu Arg Ser Ser Thr Asp Pro Lys Phe Lys
 35 40 45

Arg Ile Phe Glu Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Arg Leu Val
 50 55 60

Asp Thr Gly Val Trp Pro Asn Ala Glu Pro Gly Thr Ile Ile Leu Gly
 65 70 75 80

Leu Lys Glu Leu Pro Ser Glu Asp Phe Pro Leu Lys Asn Asp His Ile
 85 90 95

Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Asn Gln Gly Gly Trp Glu Gln Val Leu
 100 105 110

Gly Arg Trp Ala Arg Gly Gly Ser Arg Leu Tyr Asp Leu Glu Phe Leu
 115 120 125

Val Asp Glu Gln Gly Arg Arg Val Ser Ala Phe Gly Tyr His Ala Gly
 130 135 140

ES 2 628 436 T3

Phe Ala Gly Ala Ala Leu Gly Ile Lys Thr Leu Ala His Gln Leu Gln
 145 150 155 160

Gly Ser Ser Ser Lys Leu Pro Ser Val Glu Thr Phe Thr Asp Gly Arg
 165 170 175

Gly Tyr Tyr Leu Asn Glu Asp Glu Leu Val Asn Gln Ile Arg Glu Asp
 180 185 190

Leu Ala Lys Ala Glu Lys Ala Leu Gly Arg Lys Pro Thr Ala Leu Val
 195 200 205

Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Lys Gly Ala Val Asp Leu Phe Leu
 210 215 220

Lys Ala Gly Met Pro Asp Asp Asn Ile Thr Arg Trp Asp Leu Asn Glu
 225 230 235 240

Thr Lys Asp Arg Asp Gly Pro Tyr Glu Glu Ile Ala Lys Ala Asp Val
 245 250 255

Phe Leu Asn Ala Ile Tyr Leu Ser Lys Pro Ile Pro Pro Phe Ile Asn
 260 265 270

Gln Glu Leu Leu Ala Lys Gln Gly Arg Asn Leu Ala Val Val Ile Asp
 275 280 285

Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Ser
 290 295 300

Ile Asn Thr Thr Phe Glu Asp Pro Thr Val Pro Val Glu Ile Lys Asp
 305 310 315 320

Asp Gln Asn Asn Leu Pro Leu Ser Val Ile Ser Ile Asp His Leu Pro
 325 330 335

Ser Met Leu Pro Arg Glu Ala Ser Glu Ala Phe Ser Glu Gly Leu Lys
 340 345 350

Glu Ser Leu Leu Thr Leu Lys Asp Arg Glu Thr Ser Arg Val Trp Thr
 355 360 365

Asp Ala Glu Lys Leu Phe His Glu Lys Val Ala Leu Leu Pro Glu Glu
 370 375 380

Leu Arg Thr Lys Ser Val
 385 390

ES 2 628 436 T3

<210> 43
 <211> 856
 <212> ADN
 5 <213> *Claviceps purpurea*

<220>
 <221> CDS
 <222> (3)..(854)
 10 <223> Lys1

<400> 43

```

ct ggc tac aaa gtt tcc gtg gag cgc tca cca tcg gac ccc gac ttt      47
  Gly Tyr Lys Val Ser Val Glu Arg Ser Pro Ser Asp Pro Asp Phe
    1                5                10                15

gtc cgc atc ttc caa gac tct gaa tat gag gcg gct gga gct tct ctg      95
Val Arg Ile Phe Gln Asp Ser Glu Tyr Glu Ala Ala Gly Ala Ser Leu
                20                25                30

gtt ccc act ggc gtg tgg ccc aag gct gcg cca aac act ctg atc gtt      143
Val Pro Thr Gly Val Trp Pro Lys Ala Ala Pro Asn Thr Leu Ile Val
                35                40                45

ggt ctc aag gag atc ccc gaa gag ggc ttt tct ctc acc aat gac cac      191
Gly Leu Lys Glu Ile Pro Glu Glu Gly Phe Ser Leu Thr Asn Asp His
                50                55                60

ctg acc ttt gcc cat tgc tac aag aag caa gct ggc tgg aca cag gtt      239
Leu Thr Phe Ala His Cys Tyr Lys Lys Gln Ala Gly Trp Thr Gln Val
    65                70                75

ctc gga cgc ttt gtc gca ggc aaa tcg acc ctc tac gac ctg gag ttt      287
Leu Gly Arg Phe Val Ala Gly Lys Ser Thr Leu Tyr Asp Leu Glu Phe
    80                85                90                95

ctg gtc gat agc act gga aga cgc atc tct gct ttc gga ttc cac gct      335
Leu Val Asp Ser Thr Gly Arg Arg Ile Ser Ala Phe Gly Phe His Ala
                100                105                110

ggc ttc acg ggc gct gct ttg gga gtg aag aac tgg gct tgg caa ctg      383
Gly Phe Thr Gly Ala Ala Leu Gly Val Lys Asn Trp Ala Trp Gln Leu
                115                120                125

gcc aat cca gcc aag aag ctt ccc gcc gtg tcc aca ttc act gac ggc      431
Ala Asn Pro Ala Lys Lys Leu Pro Ala Val Ser Thr Phe Thr Asp Gly
                130                135                140

aag gga tac tat gtg aac gaa acc gag ttg gtg gag caa atc cgc aag      479
Lys Gly Tyr Tyr Val Asn Glu Thr Glu Leu Val Glu Gln Ile Arg Lys
                145                150                155

gat ctc gag gca gga gag aag att ctt ggc cgt aag cca aca gcc ttt      527
Asp Leu Glu Ala Gly Glu Lys Ile Leu Gly Arg Lys Pro Thr Ala Phe
    160                165                170                175

gtc ctg gga gct ttg ggt cgc tgc ggc agg ggt gct tgc gat ttg ttc      575
Val Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg Gly Ala Cys Asp Leu Phe
                180                185                190

ctc aag gca ggc ttg ccc gaa gag aac atc acc cga tgg gat ttg gcc      623
Leu Lys Ala Gly Leu Pro Glu Glu Asn Ile Thr Arg Trp Asp Leu Ala
                195                200                205

gaa acc cgc gac cgc caa ggc ccg tac gag gag att gct cag cac gat      671
    
```

ES 2 628 436 T3

Glu	Thr	Arg	Asp	Arg	Gln	Gly	Pro	Tyr	Glu	Glu	Ile	Ala	Gln	His	Asp	
		210					215					220				
atc	ttc	ctg	aac	gct	atc	tat	ctc	tcc	gag	ccc	atc	cca	cct	ttt	gtc	719
Ile	Phe	Leu	Asn	Ala	Ile	Tyr	Leu	Ser	Glu	Pro	Ile	Pro	Pro	Phe	Val	
	225					230					235					
aac	aac	gag	ctt	ctt	tct	aag	cct	ggc	cgc	aaa	ttg	agt	ggt	gtc	ata	767
Asn	Asn	Glu	Leu	Leu	Ser	Lys	Pro	Gly	Arg	Lys	Leu	Ser	Val	Val	Ile	
240					245					250					255	
gac	gtc	tcc	tgc	gac	acc	acc	aac	ccc	cac	aac	ccc	atc	ccc	atc	tac	815
Asp	Val	Ser	Cys	Asp	Thr	Thr	Asn	Pro	His	Asn	Pro	Ile	Pro	Ile	Tyr	
				260					265					270		
agc	atc	aac	acc	acc	ttc	gac	agc	ccc	acc	ggt	gcc	gtc	aa			856
Ser	Ile	Asn	Thr	Thr	Phe	Asp	Ser	Pro	Thr	Val	Ala	Val				
			275					280								

<210> 44
 <211> 284
 <212> PRT
 <213> *Claviceps purpurea*
 <400> 44

5

ES 2 628 436 T3

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

ES 2 628 436 T3

Leu Glu Ala Gly Glu Lys Ile Leu Gly Arg Lys Pro Thr Ala Phe Val
 165 170 175
 Leu Gly Ala Leu Gly Arg Cys Gly Arg Gly Ala Cys Asp Leu Phe Leu
 180 185 190
 Lys Ala Gly Leu Pro Glu Glu Asn Ile Thr Arg Trp Asp Leu Ala Glu
 195 200 205
 Thr Arg Asp Arg Gln Gly Pro Tyr Glu Glu Ile Ala Gln His Asp Ile
 210 215 220
 Phe Leu Asn Ala Ile Tyr Leu Ser Glu Pro Ile Pro Pro Phe Val Asn
 225 230 235 240
 Asn Glu Leu Leu Ser Lys Pro Gly Arg Lys Leu Ser Val Val Ile Asp
 245 250 255
 Val Ser Cys Asp Thr Thr Asn Pro His Asn Pro Ile Pro Ile Tyr Ser
 260 265 270
 Ile Asn Thr Thr Phe Asp Ser Pro Thr Val Ala Val
 275 280

5 <210> 45
 <211> 41
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 10 <220>
 <223> Cebador

 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(41)
 15 <400> 45
 taatacgact cactataggg ttgcaggaga gcgcagaaag c 41

 20 <210> 46
 <211> 42
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 25 <220>
 <223> Cebador

 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(42)
 30 <400> 46
 taatacgact cactataggg tcagttggag tccgcgtggt gt 42

 <210> 47
 <211> 20

<212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 5 <220>
 <223> Cebador

 10 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(20)

 <400> 47
 cgactctggg gacgggtgtg 20

 15 <210> 48
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 20 <220>
 <223> Cebador

 25 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(20)

 <400> 48
 gcgtgaggaa gagcgtaacc 20

 30 <210> 49
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 35 <220>
 <223> Cebador

 40 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(18)

 <400> 49
 ccgcccagac aattcgt 18

 45 <210> 50
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 50 <220>
 <223> Cebador

 55 <220>
 <221> primer_bind
 <222> (1)..(20)

 <400> 50
 ccttgccca gttgtacca 20

 60 <210> 51
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 65 <220>
 <223> Cebador

ES 2 628 436 T3

5	<210> 56 <211> 25 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
	<220> <223> Cebador	
10	<220> <221> primer_bind <222> (1)..(25)	
15	<400> 56 agaggtagca agcttgcgta gctgg	25
20	<210> 57 <211> 22 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
	<220> <223> Cebador	
25	<220> <221> primer_bind <222> (1)..(22)	
30	<400> 57 tcaatagaag cgaacgcgta aa	22
35	<210> 58 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
	<220> <223> primer	
40	<220> <221> primer_bind <222> (1)..(20)	
45	<400> 58 gttcgggatc tgctcgatgt	20

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una molécula de ARNdc que comprende i) una primera cadena que comprende una secuencia idéntica a por lo menos 18 nucleótidos contiguos del gen de sacaropina deshidrogenasa de un hongo u oomiceto y ii) una segunda cadena que comprende una secuencia sustancialmente complementaria a la primera cadena, en la que el gen de hongo u oomiceto se selecciona del grupo consistente en:
- a) un polinucleótido que comprende una secuencia como se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43;
- b) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una secuencia como se define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44;
- 10 c) un polinucleótido que tiene una identidad de secuencia de al menos el 70 %, preferentemente de al menos el 80 %, más preferentemente de al menos el 90 %, todavía más preferentemente de al menos el 95 %, con un polinucleótido que tiene una secuencia como se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43;
- 15 d) un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una identidad de secuencia de al menos el 70 %, preferentemente de al menos el 80 %, más preferentemente de al menos el 90 %, todavía más preferentemente de al menos el 95 %, con un polipéptido que tiene una secuencia como define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44;
- e) un polinucleótido que hibrida en condiciones rigurosas con un polinucleótido que tiene una secuencia como se define en las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43; y
- 20 f) un polinucleótido que hibrida en condiciones rigurosas con un polinucleótido que codifica un polipéptido que tiene una identidad de secuencia de al menos el 70 % con un polipéptido que tiene una secuencia como se define en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44.
2. Una composición que comprende al menos una molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1.
3. Una composición de acuerdo con la reivindicación 2, **caracterizada porque** comprende además un soporte, vehículo, material de carga y/o tensoactivo agrícolamente aceptables.
- 25 4. Una composición de acuerdo con las reivindicaciones 2 o 3, que comprende además un producto fitofarmacéutico o un compuesto promotor del crecimiento de la planta.
5. Un microorganismo que produce una molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1.
6. Una construcción genética que comprende al menos una secuencia de ADN, así como elemento o elementos heterólogos de regulación en las posiciones 5' y, opcionalmente, 3', **caracterizada porque** la secuencia o secuencias de ADN codifican la molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1.
- 30 7. Un vector de clonación y/o expresión, **caracterizado porque** contiene al menos una construcción genética de acuerdo con la reivindicación 6.
8. Una célula vegetal transgénica que comprende una molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1 o una construcción de acuerdo con la reivindicación 6.
- 35 9. Una planta, semilla o parte de la misma, transgénicas que comprenden una célula vegetal transgénica de acuerdo con la reivindicación 8.
10. La célula vegetal transgénica de acuerdo con la reivindicación 8, o la planta o semilla transgénica, o parte de la misma, de acuerdo con la reivindicación 9, en la que dicha planta es una planta de soja, oleaginosa, arroz o patata.
- 40 11. Un procedimiento de producción de una célula vegetal transgénica capaz de expresar un ARNdc que inhibe un gen de sacaropina deshidrogenasa de hongo u oomiceto, dicho procedimiento comprende las etapas de transformar una célula vegetal con una construcción genética de acuerdo con la reivindicación 6.
12. Un procedimiento de control de un patógeno vegetal, particularmente un hongo u oomiceto, que comprende proporcionar a dicho patógeno una molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1, o una composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4.
- 45 13. Un procedimiento de acuerdo con la reivindicación 12, **caracterizado porque** se aplica una cantidad eficaz de una molécula de ARNdc de acuerdo con la reivindicación 1, o una composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4 al suelo donde crece o puede crecer la planta, a las hojas y/o a los frutos de plantas, o a las semillas de las plantas.
- 50 14. Un procedimiento de acuerdo con la reivindicación 12, que comprende proporcionar a la planta hospedadora de dicho patógeno vegetal una célula vegetal transformada de acuerdo con la reivindicación 8.

15. Un procedimiento para inhibir la expresión de un gen patógeno vegetal, que comprende las etapas siguientes:

- i) transformar una célula vegetal con una construcción genética de acuerdo con la reivindicación 6.
- ii) colocar las células transformadas de este modo en condiciones que permitan la transcripción de dicha construcción,
- iii) poner en contacto las células con el patógeno vegetal.

5

16. El procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 11 a 15 en el que dicho patógeno vegetal es *Magnaporthe grisea*, *Phytophthora infestans*, *Sclerotinia sclerotinium* o *Phakopsora pachyrhizi*.

17. El procedimiento de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 11 a 15 en el que dicha planta es soja, oleaginosa, arroz o patata.

10

Figura 1

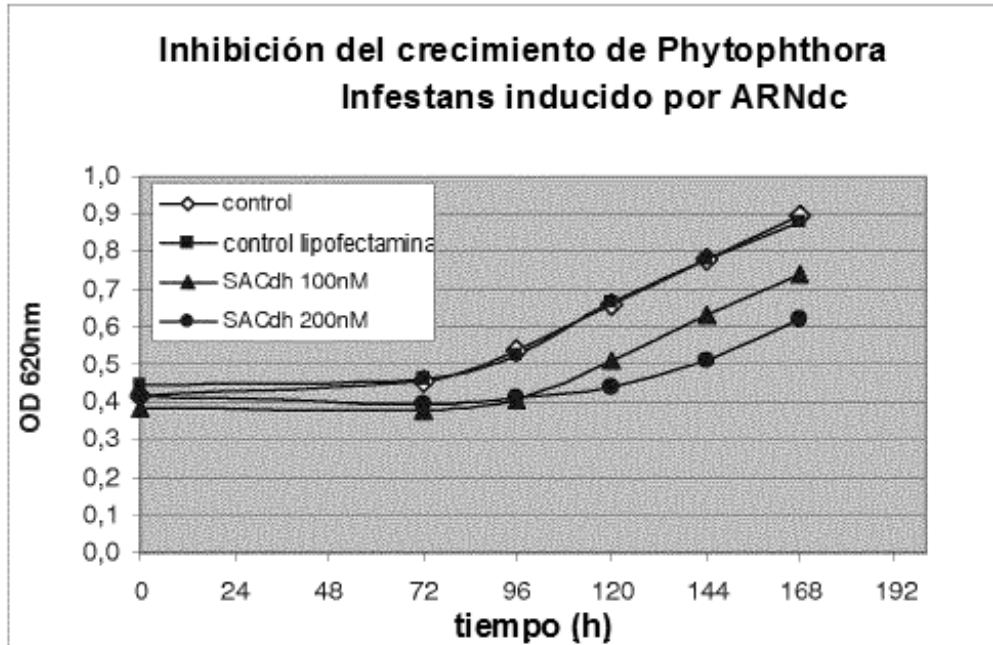


Figura 2

