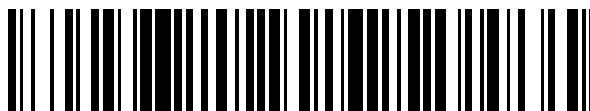


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 651 244**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/10 (2006.01)

A01H 5/12 (2006.01)

C12N 15/113 (2010.01)

C12N 15/54 (2006.01)

A01H 5/02 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **11.12.2012** **PCT/IL2012/050519**

87 Fecha y número de publicación internacional: **20.06.2013** **WO13088438**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **11.12.2012** **E 12858594 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.09.2017** **EP 2788492**

54 Título: **Métodos para modular la conductancia de estomas y las construcciones de expresión de plantas para ejecutarlos**

30 Prioridad:

11.12.2011 US 201161569251 P

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

25.01.2018

73 Titular/es:

**THE STATE OF ISRAEL, MINISTRY OF
AGRICULTURE AND RURAL DEVELOPMENT,
AGRICULTURAL RESEARCH ORGANISATION,
VOLCANI CENTER (50.0%)
P.O. Box 6
5025001 Beit Dagan, IL y
YISSUM RESEARCH DEVELOPMENT COMPANY
OF THE HEBREW UNIVERSITY OF JERUSALEM
LTD. (50.0%)**

72 Inventor/es:

**GRANOT, DAVID;
KELLY, GILOR y
MOSHELION, MENACHEM**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 651 244 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

Métodos para modular la conductancia de estomas y las construcciones de expresión de plantas para ejecutarlos

Campo de la invención

La presente invención, en algunas realizaciones de la misma, se refiere a métodos para modular la conductancia de estomas y a construcciones de expresión de plantas para ejecutarlos.

Los estomas son poros dinámicos en la cutícula protectora impermeable que recubre las partes aéreas de las plantas terrestres, que evolucionaron principalmente para ahorrar agua. Los estomas, que están compuestos por dos células protectoras y el poro que circunscriben, se abren al amanecer para permitir la entrada de dióxido de carbono atmosférico (CO₂) para la fotosíntesis, a costa de una extensa pérdida de agua por transpiración. Los estomas se cierran cuando la fijación y utilización del carbono son menos eficientes, a fin de reducir la pérdida de agua por transpiración (Assmann, 1993). A nivel mecánico, los estomas se abren en respuesta a los aumentos en la osmolalidad de las células de guarda. Estos aumentos en la osmolalidad son seguidos por el movimiento del agua hacia las células de guarda, lo que aumenta su volumen y abre los estomas (Taiz y Zeiger, 1998). El cierre estomático ocurre de la manera opuesta; a medida que se reduce la osmolalidad de las células de guarda, su volumen disminuye.

La escasez de agua es un problema grave que se verá agravado por el cambio climático global. Los estreses abióticos, especialmente la sequía y el aumento de la salinidad, son las causas principales de la pérdida de cultivos en todo el mundo. Además, la agricultura utiliza actualmente más del 70% (86% en los países en desarrollo) de agua dulce disponible. Uno de los enfoques que se pueden adoptar para ahorrar agua en la agricultura es el desarrollo de plantas que usan menos agua pero mantienen altos rendimientos en condiciones de escasez de agua. Como las plantas pierden más del 95% de su agua por transpiración a través de los estomas, la ingeniería de la actividad estomática es un enfoque prometedor para reducir las necesidades de agua de los cultivos y mejorar la productividad en condiciones de estrés.

Cominelli et al. Transcription. 2010 Jul-Ago; 1 (1): 41-45 revisa desarrollos recientes en la identificación de reguladores de la transcripción que controlan los movimientos estomáticos e implicados en el cierre de los estomas.

Otros antecedentes de la técnica incluyen:

La solicitud de patente de los Estados Unidos 7.423.203 muestra un método para aumentar el rendimiento de la planta expresando la hexoquinasa fúngica bajo un promotor específico de semilla.

La solicitud de patente de Estados Unidos 20090265812 muestra un método para aumentar la tolerancia de la planta al estrés a altas temperaturas mediante la expresión de hexoquinasa bajo un promotor específico de polen.

Jang et al. se refiere a "Hexokinase as a sugar sensor in higher plants", The Plant Cell, American Society of Plant Biologists, US, (19970105), vol. 1, no. 9.

Dai N et al., se refiere a "Overexpression of Arabidopsis Hexokinase in Tomato Plants Inhibits Growth, Reduces Photosynthesis, and Induces Rapid Senescence", The Plant Cell, American Society of Plant Biologists, US, (19990701), vol. 11.

Gilor Kelly et al. se refiere a "Hexokinase mediates stomatal closure", The Plant Journal, (20130919), vol. 75, no. 6.

Tracy lawson et al. se refiere a "Mesophyll photosynthesis and guard cell metabolism impacts on stomatal behaviour", New Phytologist, (20140901), vol. 203, no. 4.

Sumario de la invención

La presente invención se refiere a un constructo de expresión de planta de una secuencia de ácido nucleico que codifica una hexoquinasa tipo B bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda.

La presente invención también se refiere a un constructo de expresión de planta que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un agente de ácido nucleico para la expresión silenciadora de una hexoquinasa tipo B, en la que la expresión de dicho agente de ácido nucleico está bajo el control transcripcional de un elemento regulador cis-actuante específico de células de guarda.

Preferiblemente, dicho elemento regulador cis-actuante específico de células de guarda es un promotor específico de células de guarda.

Preferiblemente, dicho promotor específico de células de guarda es el promotor KST1.

La presente invención también se refiere a un método para regular la conductancia de estomas de plantas,

comprendiendo el método modular en la planta el nivel y/o la actividad de una hexoquinasa de una manera específica de las células de guarda, en la que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, regulando así la conductancia de la planta.

Preferiblemente, dicha modulación regula positivamente.

- 5 Preferiblemente, dicha regulación por incremento se efectúa introduciendo la construcción de expresión de planta en la planta.

Preferiblemente, dicha modulación regula negativamente.

- 10 Preferiblemente, dicha regulación a la baja se efectúa introduciendo en la planta un agente silenciador de ácido nucleico bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis, específico de las células de guarda.

La presente invención se refiere también a un método de disminución de la conductancia de estomas de plantas, comprendiendo el método introducir en una célula de una planta un constructo de expresión de planta, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, disminuyendo de ese modo la conductancia de los estomas de la planta.

- 15 La presente invención también se refiere a un método para aumentar la eficiencia de uso de agua de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta un constructo de expresión de planta, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de estomas, aumentando por lo tanto la eficiencia de uso de agua de la planta.

- 20 La presente invención también se refiere a un método para aumentar la tolerancia de una planta a la sequía, la salinidad o al estrés térmico, comprendiendo el método introducir en una célula de planta un constructo de expresión de planta, en donde dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentando de este modo la tolerancia de la planta a la sequía, la salinidad o el estrés térmico.

- 25 La presente invención también se refiere a un método para aumentar la biomasa, el vigor o el rendimiento de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de planta un constructo de expresión de planta, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentando de este modo la biomasa, el vigor o el rendimiento de la planta.

- 30 La presente invención también se refiere a un método para aumentar la tolerancia de una planta al estrés biótico, comprendiendo el método introducir en una célula de planta un constructo de expresión de planta, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentando de este modo la tolerancia de la planta al estrés biótico.

Preferiblemente, los métodos comprenden además el cultivo de la planta bajo condiciones de escasez de agua o de salinidad.

Breve descripción de los dibujos

- 35 Algunas realizaciones de la invención se describen en este documento, a modo de ejemplo solamente, con referencia a los dibujos adjuntos. Con referencia específica ahora a los dibujos en detalle, se destaca que los detalles mostrados son a modo de ejemplo y con el fin de aportar una discusión ilustrativa de las realizaciones de la invención. A este respecto, la descripción tomada con los dibujos hace evidente para los expertos en la técnica cómo pueden llevarse a la práctica las realizaciones de la invención.

En los dibujos:

- 40 Las Figs. 1A-C son gráficos que muestran que la sacarosa estimula el cierre estomático a través de la hexoquinasa. La FIG. 1A - Imágenes representativas de microscopía de luz de estomas tomados de impresiones epidérmicas 3 h después del tratamiento con sorbitol 100 mM o sacarosa 100 mM (barra blanca = 20 μ m). B, se analizó la respuesta estomática frente a sacarosa en plantas silvestres (WT) y que expresan AtHXK1 (HK4) con hojas intactas sumergidas durante 3 h en savia apoplástica artificial (Wilkinson y Davies, 1997) que contiene sorbitol 100 mM (como control osmótico), Suc 100 mM o sacarosa 100 mM junto con 20 mM del inhibidor de la hexoquinasa N-acetilglucosamina (NAG). Luego se tomaron impresiones epidérmicas y se midió la apertura estomática. C, las respuestas estomáticas de las plantas WT frente a diferentes combinaciones de azúcares se analizaron como se describe en (Figura 1B), sirviendo manitol 200 mM como control osmótico adicional. Los datos mostrados en las Figs. 1B, C son las medias de 300 estomas de seis repeticiones biológicas independientes $\pm$ SE. Letras diferentes indican una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$).
- 50

Las Figs. 2A-D muestran que la expresión elevada de hexoquinasa mejora el cierre de los estomas y disminuye la transpiración. La apertura estomática (figura 2A) y la conductancia estomática (figura 2B) se determinaron para plantas control (WT) y transgénicas que expresaban diferentes niveles de AtHXK1 (HK38 > HK4 > HK37) (Dai et al, 1999). Los datos de apertura son las medias de 200 estomas de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SE. Los datos

de conductancia estomática son las medias de seis repeticiones independientes $\pm$ SE. Letras diferentes indican una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$). FIG. 2C - La tasa de transpiración normalizada frente al área foliar total se controló de manera simultánea y continua a lo largo del día y los datos se dan como las medias $\pm$ SE para cada 10° punto de muestreo ($n = 6$). FIG. 2D - Se observó una correlación negativa entre la transpiración diaria relativa de toda la planta y la actividad relativa de fosforilación de la hexoquinasa. Los datos de transpiración se normalizaron para el área foliar total y la cantidad de agua absorbida por una mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se estableció en 100%. La actividad de hexoquinasa WT se estableció en 100%.

Las Figs. 3A-E muestran que AtHKK1 reduce la transpiración principalmente cuando se expresa en las hojas. Los procedimientos de injerto recíproco (Figura 3A) y triple injerto (Figura 3D) se realizaron en la etapa de plántula y las plantas se fotografiaron y se usaron para las mediciones de transpiración aproximadamente 4 semanas después del injerto. Las flechas amarillas y los corchetes indican la ubicación de los injertos. FIG. 3B - transpiración diaria relativa de la planta entera de plantas injertadas recíprocamente. Los datos se normalizaron para el área foliar total y la cantidad de agua absorbida por la mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se estableció en 100%. Los datos se dan como la media de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SE. Letras diferentes indican una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$). FIG. 3C - La tasa de transpiración normalizada frente al área foliar total de plantas injertadas recíprocamente se controló simultáneamente y continuamente a lo largo del día. Los datos se dan como las medias $\pm$ SE para cada 10° punto de muestreo ($n = 4$). FIG. 3E - transpiración diaria relativa de plantas enteras de injerto triple calculadas como en (Figura 3B).

Las Figs. 4A-B son gráficos que muestran que la supresión de HXK inhibe el cierre estomático en respuesta a Suc. FIG. 4A - Mediciones cuantitativas de la expresión en tiempo real de genes LeHXK1-3 de tomate en tomate tipo silvestre (WT) y en dos líneas de tomate independientes con supresión antisentido de HXK, α HK1 y α HK2. Los datos son las medias de tres repeticiones biológicas independientes $\pm$ SE. Los asteriscos indican diferencias significativas con respecto a WT (prueba t, $P < 0,05$). FIG. 4B - Respuesta estomática frente a Suc en WT, se analizaron dos líneas antisentido (α HK1 y α HK2) y AtHKK1 (HK4) en hojas intactas que estaban sumergidas en savia apoplástica artificial (Wilkinson y Davies, 1997) que contenía Suc 100 mM durante 3 h. Los datos se dan como las medias de 400 estomas de ocho repeticiones biológicas independientes $\pm$ SE. Letras diferentes indican una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$).

FIG. 5 es un gráfico que muestra que la glucosa (Glc) y los azúcares que pueden ser fosforilados, pero no metabolizados, estimulan el cierre estomático. Las respuestas estomáticas frente a diferentes azúcares se analizaron en hojas intactas de plantas silvestres. Las hojas se sumergieron durante 3 h en savia apoplástica artificial (Wilkinson y Davies, 1997) que contenía manitol (como control osmótico), Glc, 2-desoxiglucosa (2-dG) o manosa. Luego se tomaron impresiones epidérmicas y se midió la apertura estomática. Los datos se dan como las medias de 400 estomas de ocho repeticiones biológicas independientes $\pm$ SE. Letras diferentes indican una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$).

Las Figs. 6A-F muestran que Suc estimula la producción de NO dependiente de ABA en células de guarda mediadas por HXK. Figs. 6A-B - Se monitorizaron los niveles de óxido nítrico (NO) en células de guarda de cáscaras epidérmicas de plantas tipo silvestre (WT) y que expresan AtHKK1 (HK4) usando el colorante indicador de NO fluorescente DAF-2DA. Se determinaron los niveles de fluorescencia relativa de las células de guarda (barras blancas) y las aberturas estomáticas (barras negras) después de 30 minutos de tratamiento con tampón MES (control) o MES que contenía Suc 100 mM o sorbitol 100 mM como control osmótico. Las imágenes de fluorescencia representativas se muestran encima de las columnas de fluorescencia (barra = 10 μ m). Los datos se dan como media $\pm$ SE de 90 estomas (Figura 6A) o 60 estomas (Figura 6B) para cada tratamiento con de tres a cuatro repeticiones biológicas independientes de cada tratamiento. FIG. 6C - Se determinaron los niveles de fluorescencia relativa de células de guarda WT después de 30 minutos de tratamiento con tampón MES (control), MES que contiene 20 mM del inhibidor de hexoquinasa N-acetil-glucosamina (NAG) o Suc 100 mM con o sin NAG 20 mM. Las imágenes de fluorescencia representativas se muestran encima de las columnas de fluorescencia (barra = 10 μ m). Los datos se dan como las medias de 60 estomas de tres repeticiones biológicas independientes por tratamiento $\pm$ SE. FIG. 6D - Imágenes confocales de producción de NO en células de guarda de cáscaras epidérmicas tratadas con NAG 20 mM solamente (izquierda), 30 minutos después de la adición de Suc 100 mM (medio) y 30 minutos después de que se lavara el NAG con Suc 100 mM (derecha). El ensayo se realizó cuando se estaba fotografiando la misma tira epidérmica (barra = 20 μ m). FIG. 6E - Niveles de fluorescencia relativa de las células de guarda de una tira epidérmica tratada como en (Figura 6D). Los datos se dan como las medias de 40-60 estomas $\pm$ SE. FIG. 6F - Imágenes confocales de producción de NO en células de guarda de cáscaras epidérmicas de Sitiens (mutantes deficientes en ABA) después de 30 minutos de tratamiento con tampón MES que contiene Suc 100 mM (izquierda) o ABA 100 μ M (derecha); barra = 10 μ m. Diferentes letras minúsculas en (Figuras 6A-C, E) indican una diferencia significativa entre los tratamientos con respecto a los datos de fluorescencia y diferentes letras mayúsculas en (Figura 6A) indican una diferencia significativa entre los tratamientos con respecto a los datos de apertura estomática (prueba t, $P < 0,05$).

Las Figs. 7A-E muestran que la expresión de GFP bajo el control del promotor KST1 es específica de las células de guarda. FIG. 7A - Imágenes confocales de hojas de tomate de tipo silvestre (WT) (paneles 1-4) y transgénicas (paneles 5-8) de plantas con expresión específica de células de guarda de GFP (GCGFP designado) bajo el control del promotor KST1. Los paneles 1 y 5 son imágenes de fluorescencia de GFP (teñidas de verde), los paneles 2 y 6

son de autofluorescencia de clorofila (teñidos de magenta), los paneles 3 y 7 son imágenes de luz blanca y los paneles 4 y 8 son imágenes fusionadas. B-E, imágenes confocales de plantas WT (izquierda) y transgénicas de *Arabidopsis* GCGFP (derecha). Las imágenes se tomaron de hojas (figuras 7B y C, barras = 50 μ m y 5 μ m, respectivamente), hipocótilos (figura 7D, barra = 100 μ m) y raíces (figura 7E, barra = 50 μ m). Todos los paneles son imágenes fusionadas de luz blanca, autofluorescencia de clorofila (magenta) y fluorescencia GFP (verde).

Las Figs. 8A-F muestran que la expresión específica de células de guarda de *AtHXX1* induce el cierre de estomas y reduce la transpiración de plantas de tomate y *Arabidopsis*. FIG. 8A - Imágenes representativas de líneas de tomate de tipo silvestre (WT) y dos líneas de tomate transgénicas independientes que expresan *AtHXX1* específicamente en células de guarda (GCHXK7 y 12). Figs. 8B y C - Conductancia estomática (g_s) y transpiración diaria relativa de WT en toda la planta y dos líneas de tomate transgénicas independientes (GCHXK7 y 12). Los datos de conductancia estomática se dan como las medias de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SE. Los datos de transpiración se normalizaron para el área foliar total y la cantidad de agua absorbida por la mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se estableció en 100%. Se presentan datos de tres días consecutivos. Los datos para cada día se dan como las medias de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SE. FIG. 8D - Imágenes representativas de WT *Arabidopsis* (ecotipo Col.) y dos líneas transgénicas independientes que expresan *AtHXX1* específicamente en células de guarda (GCHXK1 y 2). Figs. 8E y F - Medidas de conductancia estomatal y transpiración de WT, dos líneas de *Arabidopsis* transgénicas independientes, GCHXK1 y GCHXK2 (ecotipo de Col.), y de *gin2-1* (mutante nulo *AtHXX1*, ecotipo Ler.). Las flechas indican una conductancia y transpiración aumentadas o disminuidas en relación con el WT. Los datos se dan como las medias ($\pm$ SE) de 8 y 12 repeticiones independientes para las líneas GCHXK y *gin2-1*, respectivamente. Los asteriscos indican diferencias significativas con respecto al WT (prueba t, $P < 0,05$).

FIG. 9 muestra que la expresión de GFP bajo el control del promotor de *FBPasa* es específica de las células del mesófilo. Imágenes confocales de tomate transgénico y hojas de *Arabidopsis* de plantas con expresión específica de mesófilo de GFP (designado MCGFP) bajo el control del promotor de *FBPasa*. Las imágenes se fusionan con fluorescencia GFP (teñido de verde) e imágenes de luz blanca (barra = 100 μ m). La fluorescencia es específica de las células del mesófilo.

Las Figs. 10A-D son gráficos que muestran que la expresión elevada de hexoquinasa en las células de guarda reduce la transpiración mientras que la fotosíntesis permanece sin cambios, mejorando así la eficiencia del uso instantáneo del agua. El análisis de intercambio gaseoso de plantas GCHXK y WT se ensayó usando un sistema portátil de intercambio de gases Li-6400 (LI-COR), conductancia estomática (Figura 10A), transpiración (Figura 10B), fotosíntesis (Figura 10C) y eficacia de uso de agua instantánea (IWUE, figura 10D) se midieron y calcularon en condiciones de crecimiento favorables. Los datos son la media $\pm$ SE ($n = 10$ para WT y $n = 20$ para 10 líneas transgénicas diferentes, dos mediciones cada una). La estrella indica una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$).

Las Figs. 11 A-C muestran que la expresión elevada de hexoquinasa en células de guarda reduce la transpiración de la planta entera y aumenta la eficiencia del uso del agua. Figs. 11 A-B - La transpiración diaria relativa de la planta entera (RDT) se analizó usando el sistema de lisímetro a gran escala como se describe en el Ejemplo 1. WT y dos líneas transgénicas GCHXK (GCHXK7, GCHXK12) se colocaron en escalas. La transpiración y el peso total de la planta se documentaron cada 3 minutos durante el experimento en el que las plantas se cultivaron en condiciones normales durante 10 días, luego se sometieron a estrés por sequía durante 3 días, seguido de un proceso de recuperación por riego durante 7 días adicionales. Los datos se normalizaron al peso total de la planta y la cantidad absorbida por la mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se fijó en el 100% y sirvió como referencia para las variaciones temporales en la transpiración potencial. FIG. 11A - Transpiración diaria relativa día a día durante todo el experimento. Los datos son las medias de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SEM. FIG. 11B - Transpiración diaria relativa de los días seleccionados en cada tratamiento. Los datos son las medias de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SEM; la estrella indica una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$). FIG. 11C - La eficiencia de uso del agua se calculó por la relación entre la acumulación de peso de la planta y la pérdida de agua de la planta, cada día por cada planta. Los datos son las medias de cuatro repeticiones independientes $\pm$ SEM; la estrella indica una diferencia significativa (prueba t, $P < 0,05$). (A-magnificado) RDT de plantas WT y GCHXK durante el cambio de riego normal (día 10) a condiciones de sequía (día 11). Las flechas rojas y verdes indican la disminución de RDT (representada por la pendiente) de WT y GCHXK respectivamente después de que las plantas estuvieron expuestas a la sequía.

Las Figs. 12A-F muestran que la expresión elevada de hexoquinasa en las células de guarda reduce la tasa de transpiración y la conductancia estomática a lo largo del día, mientras que muestra un crecimiento normal. Se analizaron la velocidad de transpiración relativa de la planta completa (figura 12A) y la conductancia estomática (figura 12B) usando el sistema de lisímetro a gran escala como se describe en los métodos. WT y dos líneas transgénicas GCHXK se colocaron en escalas. La velocidad de transpiración, g_s , la intensidad de la luz (figura 12E), el déficit de presión de vapor (VPD, figura 12F) se documentaron simultáneamente cada 3 minutos durante el experimento en el que las plantas se cultivaron en condiciones normales. Los datos para las Figs. 12A y B se normalizaron para el área foliar total y la cantidad absorbida por la mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se estableció en 100% y sirvió como referencia para las variaciones temporales en la transpiración potencial. FIG. 12C - Área total de la hoja de la planta, FIG. 12D - Peso total de la planta.

FIG. 13 muestra la tasa de transpiración de las plantas WT y GCHXK bajo condiciones de sequía. Se analizó la velocidad de transpiración de la planta completa usando el sistema de lisímetro a gran escala como se describe en el Ejemplo 1. Las líneas transgénicas WT (azul) y GCHXK (verde) se colocaron en escalas. Las tasas de transpiración se documentaron durante 9 días después de exponer las plantas a condiciones de sequía gradualmente incrementadas, al detener completamente el riego. La tasa de transpiración normalizada al área foliar total se controló de manera simultánea y continua a lo largo del día y los datos se dan como las medias $\pm$ SE para cada punto de muestreo. Los datos se normalizaron para el área foliar total y la cantidad absorbida por la mecha sumergida de tamaño fijo vecina cada día, que se estableció en 100% y sirvió como referencia para las variaciones temporales en la transpiración potencial. La estrella indica el día en que se produjo la transición de transpiración entre WT y GCHXK.

Las Figs. 14A-B muestran la producción de rendimiento de plantas transgénicas que expresan hexoquinasa específicamente en células de guarda. FIG. 14A - Número de frutos recogidos de las plantas WT y GCHXK (4 líneas independientes). FIG. 14B - Imágenes representativas de plantas de tomate de tipo silvestre (WT) y transgénicas que expresan AtHKK1 específicamente en células de guarda (GCHXK7).

Las Figs. 15A-C muestran la producción de rendimiento de plantas transgénicas que expresan hexoquinasa específicamente en células de guarda, en condiciones limitadas de suministro de agua. FIG. 15A - Las plantas se cultivaron bajo condiciones comerciales de invernadero controladas, siguiendo instrucciones expertas con respecto a los procedimientos de cultivo (sistema de suelo, riego, fertilización, etc.). Las plántulas se plantaron en un orden mixto, se retiró toda la fila de siembra y se mantuvo el mismo orden en cada fila. Cada fila fue regada diferencialmente; ya sea completamente (100%) o parcialmente (75%, 50% y 25% regímenes de riego). Desde la etapa inicial de irrupción del fruto, los frutos fueron recolectados, contados y pesados para cada planta individual durante 4 semanas. El peso del fruto acumulado (Figura 15B) y el número de frutos (Figura 15C) de las plantas WT (azul) y GCHXK (verde) se promediaron para cada régimen de riego. Las flechas azules y verdes indican un menor peso del fruto de las plantas WT y GCHXK, respectivamente, cuando se pasa del 75% al 50% de riego.

Las Figs. 16A-F muestran que la expresión específica de células de guarda de AtHKK1 induce el cierre estomático, reduce la transpiración y aumenta la temperatura de la hoja sin disminuir la fotosíntesis o la conductancia del mesófilo para CO₂, por lo tanto mejora la eficiencia del uso de agua de las plantas de Arabidopsis. Conductancia estomática (figura 16A), transpiración (figura 16B), fotosíntesis (figura 16C) y conductancia de mesófilo para mediciones de CO₂ (gm, figura 16D) de plantas WT y Arabidopsis transgénicas que expresan AtHKK1 específicamente en células de guarda (GCHXK). FIG. 16E - eficiencia instantánea del uso del agua (IWUE) de las plantas WT y GCHXK. FIG. 16F - Las temperaturas de las hojas (hojas más cálidas - cierre estomático) de las plantas WT y GCHXK se determinaron usando el software ThermoCam researcher pro 2.10. Los puntos de datos son las medias $\pm$ SE de 6 repeticiones biológicas en las Figs. 16A-E y de 12 repeticiones biológicas en la FIG. 16F. El asterisco denota una diferencia significativa en relación con el tipo silvestre (prueba t, P < 0,05).

Las Figs. 17A-B son mapas esquemáticos del vector binario pGreen0029 que contiene el promotor KST1, ADNc AtHKK1 (Figura 17A) o GFP (Figura 17B) y un terminador: Vector también contiene genes nos-Kan y neomicina fosfotransferasa II (NptII) como marcadores seleccionables para la transformación de bacterias y plantas.

Descripción de las realizaciones específicas de la invención

La presente descripción, en algunas realizaciones de la misma, se refiere a métodos para modular la conductancia de estomas y a construcciones de expresión de plantas para ejecutarlos.

Antes de explicar al menos una realización de la descripción en detalle, debe entenderse que la descripción no está necesariamente limitada en su aplicación a los detalles expuestos en la siguiente descripción o ejemplificados por los Ejemplos. La descripción es susceptible de abarcar otras realizaciones o de practicarse o llevarse a cabo de diversas maneras.

El agua es el principal factor que limita el crecimiento y desarrollo de muchas plantas terrestres. Los estomas, compuestos por dos células de guarda, son las principales puertas que controlan la pérdida de agua de las plantas. Muchos estímulos ambientales y fisiológicos controlan la apertura de los estomas, pero todos funcionan a través de la regulación de la osmolalidad de las células de guarda. El aumento de la osmolalidad de las células de guarda conduce a la apertura de los estomas y la disminución de la osmolalidad provoca el cierre de los estomas. El paradigma prevaleciente es que la sacarosa actúa como un agente osmótico en las células de guarda, lo que contribuye a la apertura de los estomas.

Al concebir la presente descripción, los presentes inventores han descubierto que, contrariamente al paradigma prevaleciente, la sacarosa cierra los estomas mediante un mecanismo no osmótico (véase el Ejemplo 2). Además, la respuesta de las células de guarda frente a la sacarosa depende de la enzima hexoquinasa sensible al azúcar (HKK), que desencadena la vía de señalización del ácido abscísico dentro de las células de guarda, lo que lleva al cierre de los estomas.

Por lo tanto, mientras se reduce la presente descripción a la práctica, los presentes inventores han encontrado que la modulación de la actividad o expresión de la hexoquinasa se correlaciona con la apertura estomática.

Como se ilustra a continuación en la presente y en la sección de Ejemplos que sigue, los presentes inventores han sobreexpresado HXK en estomas de plantas de tomate (de una manera específica a células de guarda). Sorprendentemente, aunque la fotosíntesis permaneció sin cambios (Figura 10C), la conductancia estomática (que indica la apertura estomática, Figura 10B) y la transpiración (Figura 10A) se redujeron. Se obtuvieron resultados similares mientras se monitoreaban los mismos parámetros durante todo el día (Figuras 12A-D). De manera destacable, midiendo el área y el peso foliar total de la planta (Figuras 12C y 12D respectivamente), los presentes inventores descubrieron que aunque las plantas hubieran consumido menos agua (Figura 12A), el crecimiento no se deterioraba, e incluso mejoraba. Ahorrar agua sin afectar el crecimiento de la planta mejoraba la eficiencia del uso de agua en toda la planta. La expresión elevada de hexoquinasa en células de guarda mejora la producción de rendimiento (Figuras 14A-B) incluso bajo un suministro de agua limitado (Figuras 15A-C). Se observaron resultados similares en *Arabidopsis*. Estos resultados demuestran que la misma inserción transgénica de hexoquinasa bajo el promotor específico de células de guarda utilizado en el caso del tomate (familia de las solanáceas) es universalmente aplicable al tiempo que afecta los estomas y aumenta la eficiencia del uso del agua en el caso de *Arabidopsis* (familia Brassicaceae) y que esta técnica también podría implementarse en otras especies.

A diferencia de estudios previos, que se basaron en las correlaciones entre el contenido de sacarosa y la apertura estomática, este estudio tuvo un enfoque funcional para el examen de los efectos de la sacarosa y sus productos de escisión sobre el comportamiento estomático. Ahora se ha demostrado que la sacarosa estimula una respuesta específica de las células de guarda que está mediada por HXK y ABA y conduce al cierre de los estomas. Sin estar ligados a la teoría, se sugiere que esta respuesta presenta un mecanismo de retroalimentación natural dirigido a reducir la transpiración y la conservación del agua bajo el exceso de fotosíntesis, coordinando así entre la fotosíntesis y la transpiración.

Por lo tanto, de acuerdo con un aspecto de la descripción se proporciona un método para regular la conductancia de los estomas de las plantas, comprendiendo el método modular en la planta el nivel y/o la actividad de una hexoquinasa en una manera específica a las células de guarda, regulando así la conductancia de los estomas y la transpiración de las plantas.

Como se usa en este documento, la frase "conductancia de estomas" se refiere al intercambio gaseoso a través del complejo de poros estomáticos. La conductancia de los estomas está regulada por la apertura de los estomas. La conductancia estomática afecta a la transpiración de la planta y, por lo tanto, la presente metodología de acuerdo con este aspecto de la descripción también regula la transpiración de la planta.

Como se usa en el presente documento, la frase "regulación de la conductancia de los estomas de las plantas" se refiere a un aumento o una disminución en la conductancia de los estomas. El aumento o disminución puede ser de al menos 2%, 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80% o más, digamos 90% o 100% (p. ej., 20-40%).

Como se usa en este documento, el término "hexoquinasa", abreviado como HXK, y referido en este documento como "el transgén" o "el polipéptido", se refiere a la enzima que típicamente fosforila a las hexosas (azúcares de seis carbonos), formando fosfato de hexosa y que tiene el Número CE 2.7.1.1. La HXK, como se usa en el presente documento, también se refiere a una proteína de tipo hexoquinasa (HKL) que se une a la hexosa y transmite una señal independiente de su actividad de quinasa (fosforilación de hexosa).

Las hexoquinasas, según las presentes enseñanzas, pueden tener un tamaño de aproximadamente 100 kD como la mayoría de los organismos multicelulares (por ejemplo, mamíferos y plantas). Consisten en dos mitades (terminal N y C), que comparten mucha homología de secuencia. Esto sugiere un origen evolutivo por duplicación y fusión de una hexoquinasa ancestral de 50 kD similar.

La hexoquinasa puede ser de origen natural o puede comprender/consistir en una secuencia sintética (es decir, artificial) siempre que conserve la actividad de hexoquinasa.

Debido a su alto nivel de conservación, la hexoquinasa de la presente descripción puede ser de origen vegetal o animal. De acuerdo con una realización específica, la hexoquinasa es una hexoquinasa vegetal.

Las hexoquinasas se pueden categorizar de acuerdo con su localización celular. Por lo tanto, las HXK pueden estar asociadas con las mitocondrias, asociadas con los plástidos o dentro de estos o presentes en el citosol. Hasta la fecha, se ha encontrado que todas las HXK examinadas en eudicotiledóneas tienen un péptido señal plastídico (tipo A) o un dominio de anclaje a la membrana N-terminal (tipo B), sin embargo, también se contemplan hexoquinasas citosólicas para su uso de acuerdo con las presentes enseñanzas. De acuerdo con una realización específica, la hexoquinasa es una HXK tipo B (asociada a las mitocondrias).

Como se usa en el presente documento, "una actividad de hexoquinasa" se refiere a la capacidad de la enzima para regular la conductancia de los estomas. La enzima puede unirse a la hexosa y estimular la ruta del ácido abscísico (ABA) que controla la conductancia de los estomas. La actividad puede ser independiente de quinasa.

Ejemplos no limitativos de hexoquinasas que se contemplan de acuerdo con las presentes enseñanzas se proporcionan en la Tabla 1 a continuación.

Tabla 1. Genes de hexoquinasa y su función fisiológica.

Especie	Gen	Nº de entrada (SEQ ID NO:)	Tipo/Localización intracelular	Funciones fisiológicas	Referencias
Eudicotiledóneas					
Arabidopsis thaliana	AtH XK1	AT4G29130 (SEQ ID NOs: 11 y 12)	Tipo B M, N	Detección de Glc PCD Media las interacciones de azúcar y hormonales Crecimiento y desarrollo Represión génica fotosintética Transpiración Reorganización de los filamentos de actina Respuesta al estrés oxidativo Resistencia a patógenos Crecimiento radicular direccional Senescencia de las hojas	(Jang et al., 1997; Dai et al., 1999; Yanagisawa et al., 2003; Moore et al., 2003; Leon and Sheen, 2003; Kim et al., 2006; Pourtau et al., 2006; Cho et al., 2006a; Rolland et al., 2006; Chen, 2007; Aki et al., 2007; Balasubramanian et al., 2007, 2008; Sarowar et al., 2008; Karve et al., 2008; Ju et al., 2009; Karve et al., 2010; Kushwah et al., 2011; Kelly et al., 2012)
	AtH XK2	AT2G19860 (SEQ ID NOs: 13 y 14)	Tipo B M	Detección de Glc PCD Represión génica fotosintética	(Jang et al., 1997; Kim et al., 2006; Karve et al., 2008)
	AtH XK3	AT1G47840 (SEQ ID NOs: 15 y 16)	Tipo A P	Detección de Glc Respuesta al estrés abiótico	(Claeysen and Rivoal, 2007; Karve et al., 2008; Zhang et al., 2010)
	AtH KL1	AT1G50460 (SEQ ID NOs: 17 y 18)	Tipo B M	Crecimiento Desarrollo de capilares Media la interferencia de Glc-etileno Respuesta al estrés abiótico	(Claeysen and Rivoal, 2007; Karve et al., 2008; Karve and Moore, 2009; Karve et al., 2012)
	AtH KL2	AT3G20040 (SEQ ID NOs: 19 y 20)	Tipo B M		(Karve et al., 2008)
	AtH KL3	AT4G37840 (SEQ ID NOs: 21 y 22)	Tipo B M	Respuesta al estrés abiótico	(Claeysen and Rivoal, 2007; Karve et al., 2008)
Tomate (Solanum lycopersicum)	SIH XK1	AJ401153 (SEQ ID NOs: 23 y 24)	Tipo B M		(Damari-Weissler et al., 2006)
	SIH XK2	AF208543 (SEQ ID NOs: 25 y 26)	Tipo B M		(Menu et al., 2001; Damari-Weissler et al., 2006)
	SIH XK3	DQ056861 (SEQ ID NOs: 27 y 28)	Tipo B M		(Kandel-Kfir et al., 2006)
	SIH XK4	DQ056862 (SEQ ID NOs: 29 y 30)	Tipo A P		(Kandel-Kfir et al., 2006)
Solanum chacoense	ScHK2	DQ177440 (SEQ ID NOs: 31 y 32)	ND		(Claeysen et al., 2006)
Patata	StH XK1	X94302 (SEQ	ND	Detección de Glc	(Veramendi et al.,

(Solanum tuberosum)		ID NOs: 33 y 34)		Contenido de almidón de las hojas	1999; Veramendi et al., 2002)
	StHxK2	AF106068 (SEQ ID NOs: 35 y 36)	ND	Detección de Glc	(Veramendi et al., 2002)
Tabaco (Nicotiana tabacum/benthamiana)	NtHxK2	AY553215 (SEQ ID NOs: 37 y 38)	Tipo A P		(Giese et al., 2005)
	NbHxK1	AY286011 (SEQ ID NOs: 39 y 40)	Tipo B M	Crecimiento de planta PCD Resistencia al estrés oxidativo	(Kim et al., 2006; Sarowar et al., 2008)
Girasol (Helianthus annuus)	HaHxK1	DQ835563 (SEQ ID NOs: 41 y 42)	ND	Desarrollo de semilla	(Troncoso-Ponce et al., 2011)
Populus trichocarpa	PtHxK1	XP_002325031 (SEQ ID NOs: 43 y 44)	Tipo B M	Detección de Glc	(Karve et al., 2010)
Uva (Vitis vinifera L. cv. Cabernet Sauvignon)	VvHxK1	JN118544	ND		(Yu et al., 2012)
	VvHxK2	JN118545	ND		(Yu et al., 2012)
Espinaca (Spinacia oleracea)	SoHxK1	AF118132 (SEQ ID NOs: 45 y 46)	Tipo B M		(Wiese et al., 1999; Damari-Weissler et al., 2007)
Monocotiledóneas					
Arroz (Oryza sativa)	OsHxK1	DQ116383 (SEQ ID NOs: 47 y 48)	C, N		(Cho et al., 2006a; Cheng et al., 2011)
	OsHxK2	DQ116384 (SEQ ID NOs: 49 y 50)	Tipo B M		(Cheng et al., 2011)
	OsHxK3	DQ116385 (SEQ ID NOs: 51 y 52)	Tipo B M		(Cheng et al., 2011)
	OsHxK4	DQ116386 (SEQ ID NOs: 53 y 54)	Tipo A P		(Cho et al., 2006a; Cheng et al., 2011)
	OsHxK5	DQ116387 (SEQ ID NOs: 55 y 56)	Tipo B M, N	Detección de Glc Represión génica fotosintética Crecimiento de brotes	(Cho et al., 2009a; Cheng et al., 2011)
	OsHxK6	DQ116388 (SEQ ID NOs: 57 y 58)	Tipo B M, N	Detección de Glc Represión génica fotosintética Crecimiento de brotes	(Aki and Yanagisawa, 2009; Cho et al., 2009a; Cheng et al., 2011)
	OsHxK7	DQ116389 (SEQ ID NOs: 59 y 60)	C, N		(Cho et al., 2006a; Cheng et al., 2011)
	OsHxK8	DQ116390 (SEQ ID NOs: 61 y 62)	C, N		(Cheng et al., 2011)
	OsHxK9	DQ116391 (SEQ ID NOs: 63 y 64)	Tipo B M		(Cheng et al., 2011)
	OsHxK10	DQ116392 (SEQ ID NOs: 65 y 66)	C y/o M	Germinación de polen	(Xu et al., 2008; Cheng et al., 2011)
Sorgo (Sorghum bicolor)	SbHxK3	XM_002459027 (SEQ ID NOs: 67 y 68)	Tipo B M	Ninguna función de detección de Glc	(Karve et al., 2010)

	SbH XK8	XM_002454982 (SEQ ID NOS: 69 y 70)	C		(Karve et al., 2010)
Trigo (<i>Triticum aestivum</i>)	H XK	AY974231 (SEQ ID NOS: 71 y 72)	ND	Controla la translocali- zación de triosa fosfato/fosfato	(Sun et al., 2006)
Licofitos					
Selaginella (<i>Selaginella moellendorffii</i>)	SmH XK3	26000047 *	C	Detección de Glc	(Karve et al., 2010)
	SmH XK5	57.357.1 *	C		(Karve et al., 2010)
Briofitos					
Musgo (<i>Physcomitrella patens</i>)	PpH XK1	AY260967 (SEQ ID NOS: 73 y 74)	Tipo A P	Tipo filamentoso y crecimiento	(Olsson et al., 2003; Thelander et al., 2005)
	PpH XK2	XM_001784578 (SEQ ID NOS: 75 y 76)	Tipo B M, P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK3	XM_001784282 (SEQ ID NOS: 77 y 78)	Tipo B M, P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK4	XM_001760896 (SEQ ID NOS: 79 y 80)	Tipo C C, N		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK5	XM_001766381 (SEQ ID NOS: 81 y 82)	Tipo A P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK6	XM_001762899 (SEQ ID NOS: 83 y 84)	Tipo A P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK7	XM_001754096 (SEQ ID NOS: 85 y 86)	Tipo B M,P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK8	XM_001752177 (SEQ ID NOS: 87 y 88)	Tipo B M,P		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK9	XM_001770125 (SEQ ID NOS: 89 y 90)	Tipo D M		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK10	XM_001776713 (SEQ ID NOS: 91 y 92)	Tipo D M		(Nilsson et al., 2011)
	PpH XK11	XM_001779426 (SEQ ID NOS: 93 y 94)	Tipo D M,P		(Nilsson et al., 2011)

Tipo A: localizado en el estroma plastídico. Tipo B - asociado a las mitocondrias. Tipo C: localizado en el citosol y el núcleo. Tipo D - asociado a las mitocondrias, diferente del Tipo B en secuencia. M: asociado a las mitocondrias. P - plástido. N - núcleo. C - citosol. ND - no determinado. PCD - muerte celular programada. Glc - glucosa.

5 *Joint Genome Institute-Selaginella moellendorffiv1.0.

Como se mencionó, la secuencia H XK puede ser natural o generarse artificialmente (por ejemplo, optimizada por codones) de acuerdo con el uso previsto.

10 De acuerdo con una realización específica, la modulación de la actividad o expresión de H XK se refiere a la regulación positiva de la actividad o expresión que da como resultado la reducción de la conductancia estomática. La regulación positiva puede ser de al menos 5%, 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70% 80% o más, digamos 90% o incluso 100%, en comparación con la expresión o actividad de hexoquinasa en una célula similar de la misma especie de planta, condiciones de crecimiento y etapa de desarrollo (p. ej., planta silvestre (WT)).

Como se mencionó, la regulación positiva de la actividad o expresión de la hexoquinasa de una manera específica de células de guarda tiene una serie de ventajas en las plantas de cultivo y el cultivo de hortalizas.

Por lo tanto, los presentes inventores han demostrado que la regulación positiva de HXK en una forma específica a las células de guarda disminuye la apertura y la conductancia de los estomas (sin afectar a la fotosíntesis), mejora la eficiencia del uso de agua en la planta, aumentando la tolerancia de la planta a la sequía y aumenta el vigor, la biomasa o el rendimiento (bajo estrés o condiciones de crecimiento óptimas). Del mismo modo, las plantas que expresan HXK en una forma específica de células de guarda son tolerantes al estrés por salinidad. Se aprecia que las plantas absorben el agua (se empapan) como resultado de la diferencia entre el potencial del agua en el aire y dentro de las plantas. Esta diferencia se denomina déficit de presión de vapor (VPD). La fuerza motriz del remojo del agua del suelo es el VPD. A mayor VPD, mayor es la fuerza. Sin embargo, cuando los estomas están parcialmente cerrados, el efecto de VPD se reduce y la planta toma menos agua. En ese caso, la planta tomará menos sal del suelo y se verá menos afectada. Las presentes enseñanzas también tienen un impacto sin precedentes en la tolerancia de las plantas al estrés biótico. Muchos patógenos humanos y vegetales, tales como las bacterias y los hongos, invaden las plantas a través de los estomas (véase, por ejemplo, Kroupitski et al., *Applied and Environmental Microbiology* 2009 6076-6086, que muestra que la *Salmonella* entérica se internaliza en las hojas por los estomas abiertos). Los estomas no solo permiten una entrada fácil, sino que también sirven como un buen ambiente para atraer a los patógenos mediante la acumulación de azúcares cerca de las células de guarda cuando los estomas están abiertos. De hecho, los presentes inventores han observado infecciones de hongos y bacterias reducidas en plantas con alta expresión de HXK (no mostrado).

Alternativa o adicionalmente, las presentes enseñanzas también se pueden emplear para impartir a la planta una tolerancia por estrés térmico (calor o frío). Por ejemplo, se espera que las plantas que expresan altos niveles de HXK en una forma específica de célula de guarda muestren una resistencia prolongada al calor y al frío con respecto al cuajado del fruto. El desarrollo del polen y la germinación son sensibles al calor y al frío, muy probablemente debido a la perturbación del metabolismo del azúcar. Se sugiere que durante el estrés por calor se llevan menos azúcares hacia los granos de polen (y otros tejidos sumidero también) ya que la mayor parte del agua se transpira a través de los estomas. De acuerdo con las presentes enseñanzas, cuando se transpira menos agua a través de los estomas, entonces hay más agua disponible para el transporte de azúcar en el floema. Esto puede impartir resistencia al estrés de la temperatura (por ejemplo, calor) permitiendo de ese modo la producción de granos de polen viables.

Alternativa o adicionalmente, las presentes enseñanzas se pueden emplear para prevenir la podredumbre apical de los frutos (BER). La BER es un daño fisiológico visible que afecta a muchos cultivos como el tomate, las berenjenas, los pimientos, el melón y muchos más. La BER ocurre principalmente bajo el estrés por calor y agua. Ahora se sugiere que en esas condiciones, la mayor parte del agua se transpira y hay menos agua disponible para transportar azúcares, minerales e iones hacia los frutos. En consecuencia, la disminución de la transpiración puede asignar más agua que transporta más azúcares, minerales e iones hacia los frutos y otros tejidos sumidero (Nikinma et al., 2012 *Plant, Cell and Environment* 2012 1- 15). La BER está determinada por el porcentaje de frutos que exhiben podredumbre visible o detectable (daño físico) en el fruto. La prevención de BER significa disminuir el porcentaje de frutos con BER.

Por lo tanto, según una realización a modo de ejemplo, las presentes enseñanzas se pueden usar para aumentar la biomasa, el vigor o el rendimiento de una planta.

Como se usa en este documento, la frase "rendimiento de planta" se refiere a la cantidad (por ejemplo, según se determina por peso o tamaño) o cantidad (números) de tejidos u órganos producidos por planta o por estación de crecimiento. Por lo tanto, un mayor rendimiento podría afectar el beneficio económico que se puede obtener de la planta en una determinada área de cultivo y/o tiempo de crecimiento.

Cabe señalar que el rendimiento de una planta puede verse afectado por diversos parámetros que incluyen, pero no se limitan a, biomasa de la planta; vigor de la planta; tasa de crecimiento; rendimiento de semilla; cantidad de semilla o grano; calidad de semilla o grano; rendimiento de aceite; contenido de aceite, almidón y/o proteína en órganos cosechados (por ejemplo, semillas, frutos o partes vegetales de la planta); número de flores (flósculos) por panícula (expresado como una proporción del número de semillas rellenas respecto al número de panículas primarias); índice de cosecha; cantidad de plantas cultivadas por área; número y tamaño de los órganos cosechados por planta y por área; número de plantas por área de crecimiento (densidad); número de órganos cosechados en el campo; área foliar total; asimilación de carbono y partición de carbono (la distribución/asignación del carbono dentro de la planta); resistencia a la sombra; número de órganos recolectables (por ejemplo, semillas), semillas por vaina, peso por semilla; y arquitectura modificada [tal como aumentar el diámetro del tallo, el grosor o la mejora de las propiedades físicas (por ejemplo, la elasticidad)].

Como se usa en el presente documento, la frase "rendimiento de semilla" se refiere al número o peso de las semillas por planta, semillas por vaina, o por área de crecimiento o al peso de una sola semilla, o al aceite extraído por semilla. Por lo tanto, el rendimiento de semillas puede verse afectado por las dimensiones de la semilla (por ejemplo, longitud, ancho, perímetro, área y/o volumen), cantidad de semillas (llenas) y tasa de llenado de semillas y por contenido de aceite de semilla. Por lo tanto, aumentar el rendimiento de semilla por planta podría afectar el beneficio económico que uno puede obtener de la planta en una determinada área de cultivo y/o tiempo de crecimiento; y aumentar el rendimiento de semillas por área de cultivo podría lograrse aumentando el rendimiento de semillas por planta, y/o aumentando el número de plantas cultivadas en la misma área determinada.

El término "semilla" (a veces referido como "grano"), como se usa en el presente documento, se refiere a una pequeña planta embrionaria encerrada en una cubierta llamada la cubierta de la semilla (generalmente con algún alimento almacenado), el producto del óvulo maduro de las plantas gimnospermas y angiospermas que ocurre después de la fertilización y algo de crecimiento dentro de la planta madre. La semilla puede ser una semilla híbrida o una línea homocigota.

La frase "contenido de aceite", como se usa en este documento, se refiere a la cantidad de lípidos en un órgano de planta dado, ya sea las semillas (contenido de aceite de semilla) o la porción vegetativa de la planta (contenido de aceite vegetal) y se expresa típicamente como porcentaje de peso seco (10% de humedad de las semillas) o peso húmedo (por porción vegetativa).

Se debe observar que el contenido de aceite se ve afectado por la producción de aceite intrínseca de un tejido (por ejemplo, semilla, fruto, porción vegetativa), así como la masa o el tamaño del tejido productor de aceite por planta o por período de crecimiento.

En una realización, el aumento en el contenido de aceite de la planta se puede lograr aumentando el tamaño/masa de tejido(s) de una planta que comprende el aceite por período de crecimiento. Por lo tanto, el aumento del contenido de aceite de una planta se puede lograr aumentando el rendimiento, la tasa de crecimiento, la biomasa y el vigor de la planta.

Tal como se usa en el presente documento, la frase "biomasa de la planta" se refiere a la cantidad (por ejemplo, medida en gramos de tejido seco) de un tejido producido a partir de la planta en una temporada de crecimiento, que también podría determinar o afectar el rendimiento de la planta o el rendimiento por área de crecimiento. Un aumento en la biomasa de la planta puede ser en toda la planta o en partes de ella, tales como partes aéreas (cosechables), biomasa de los frutos, biomasa vegetativa, raíces y semillas.

Tal como se usa en el presente documento, la frase "velocidad de crecimiento" se refiere al aumento en el tamaño de órgano/tejido de planta por tiempo (puede medirse en cm^2 por día).

Como se usa en este documento, la frase "vigor de la planta" se refiere a la cantidad (medida en peso) de tejido producido por la planta en un tiempo dado. Por lo tanto, un mayor vigor podría determinar o afectar el rendimiento de la planta o el rendimiento por tiempo de crecimiento o área de crecimiento. Además, el vigor temprano (semilla y/o plántula) da como resultado una mejora en el campo.

Se debe observar que el rendimiento de una planta puede determinarse bajo condiciones de estrés (por ejemplo, estrés abiótico) y/o sin estrés (normal). Se contempla en este documento que el rendimiento, el vigor o la biomasa de la planta que expresa el HXK en una forma específica de células de guarda aumentan en comparación con el de la planta silvestre (que no expresa dicho HXK) en condiciones de estrés o no sometidas a estrés.

Como se usa en este documento, la frase "condiciones sin estrés" (o normales u óptimas, como se menciona en este documento) se refiere a las condiciones de crecimiento (por ejemplo, agua, temperatura, ciclos luz-oscuridad, humedad, concentración de sal, concentración de fertilizante en el suelo, suministro de nutrientes tales como el nitrógeno, fósforo y/o potasio), que no van más allá de las condiciones climáticas y abióticas cotidianas que las plantas pueden encontrar, y que permiten un crecimiento, metabolismo, reproducción y/o viabilidad óptimos de una planta en cualquier etapa de su ciclo de vida (por ej., en una planta de cultivo desde la semilla hasta una planta madura y de vuelta a la semilla de nuevo). Los expertos en la técnica conocen las condiciones normales del suelo y las condiciones climáticas para una planta dada en una ubicación geográfica determinada. Cabe señalar que si bien las condiciones sin estrés pueden incluir algunas variaciones leves de las condiciones óptimas (que varían de un tipo/especie de una planta a otra), tales variaciones no causan que la planta deje de crecer sin la capacidad de reanudar el crecimiento.

Como se mencionó, un mayor rendimiento puede ser en condiciones sin estrés o condiciones de estrés abiótico/biótico.

La frase "estrés abiótico", como se usa en la presente memoria, se refiere a cualquier efecto adverso sobre el metabolismo, crecimiento, reproducción y/o viabilidad de una planta. Por consiguiente, el estrés abiótico puede ser inducido por condiciones de crecimiento ambiental por debajo del óptimo tales como, por ejemplo, salinidad, privación de agua, inundación, congelación, baja o alta temperatura (es decir, frío o calor), toxicidad de metales pesados, anaerobiosis, deficiencia de nutrientes, contaminación atmosférica o irradiación UV.

La frase "tolerancia al estrés abiótico", como se usa en la presente memoria, se refiere a la capacidad de una planta para soportar un estrés abiótico sin sufrir una alteración sustancial en el metabolismo, crecimiento, productividad y/o viabilidad.

Como se usa en este documento, la frase "eficiencia de uso de agua (WUE)" se refiere al nivel de materia orgánica producida por unidad de agua consumida por la planta, es decir, el peso seco de una planta en relación con el uso de agua de la planta, por ejemplo, la biomasa producida por unidad de transpiración.

Del mismo modo, "estrés biótico" se refiere al estrés que se produce como resultado del daño causado a las plantas por otros organismos vivos, tales como bacterias, virus, hongos, parásitos.

La regulación positiva de HXK en una forma específica de células de guarda puede usarse para remediar cualquiera de las condiciones mencionadas anteriormente y para mejorar el rendimiento general de las plantas. Por lo tanto, la regulación positiva de HXK puede efectuarse expresando un polinucleótido exógeno que codifica HXK en la planta de una manera específica de las células de guarda.

La expresión "expresar dentro de la planta un polinucleótido exógeno que codifica HXK", como se usa en la presente memoria, se refiere a regular positivamente el nivel de expresión de un polinucleótido exógeno que codifica un polipéptido HXK dentro de la planta introduciendo el polinucleótido exógeno en una célula de planta o planta y expresándolo por medios recombinantes, como se describe adicionalmente a continuación en el presente documento.

Como se usa en el presente documento, "expresar" se refiere a la expresión a nivel del ARNm y polipéptido. Se apreciará que para silenciar la expresión está al nivel de ARNm solo (los mecanismos de silenciamiento de HXK se describen adicionalmente a continuación).

Como se usa en el presente documento, la frase "polinucleótido exógeno" se refiere a una secuencia de ácido nucleico heteróloga que puede no expresarse de forma natural dentro de la planta o que se desea su sobreexpresión en la planta. El polinucleótido exógeno se puede introducir en la planta de una manera estable o transitoria, para producir una molécula de ácido ribonucleico (ARN) y/o una molécula de polipéptido. Debe observarse que el polinucleótido exógeno puede comprender una secuencia de ácido nucleico que es idéntica o parcialmente homóloga a una secuencia de ácido nucleico endógena de la planta.

El término "endógeno", como se usa en el presente documento, se refiere a cualquier polinucleótido o polipéptido que esté presente y/o se exprese naturalmente dentro de una planta o una célula de la misma.

De acuerdo con la descripción, el polinucleótido exógeno de la descripción comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos de una hexoquinasa.

Según una realización específica, la secuencia de aminoácidos del polipéptido HXK (codificada a partir del polinucleótido exógeno) es, al menos aproximadamente 30%, 40% o 50%, o al menos aproximadamente 55%, al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 65%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 75%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99%, o más, es 100% homólogo a la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NOs: 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92 y 94, siempre que su actividad hexoquinasa sea mantenida como se describe más arriba.

La homología (por ejemplo, el porcentaje de homología, identidad + similitud) puede determinarse usando cualquier software de comparación de homología, incluyendo, por ejemplo, el software BlastP o TBLASTN del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI), tal como mediante el uso de parámetros predeterminados, cuando se inicia desde una secuencia polipeptídica; o el algoritmo tBLASTX (disponible a través del NCBI) tal como mediante el uso de parámetros por defecto, que compara los productos de traducción conceptual de seis marcos de una secuencia de búsqueda de nucleótidos (ambas cadenas) contra una base de datos de secuencias de proteínas.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, el término "homología" u "homólogo" se refiere a la identidad de dos o más secuencias de ácido nucleico; o identidad de dos o más secuencias de aminoácidos.

Las secuencias homólogas incluyen secuencias ortólogas y parálogas. El término "parálogo" se refiere a la duplicación de genes dentro del genoma de una especie que conduce a genes parálogos. El término "ortólogo" se refiere a genes homólogos en diferentes organismos debido a una relación ancestral.

Una opción para identificar ortólogos en especies de plantas monocotiledóneas es realizando una búsqueda recíproca BLAST. Esto se puede hacer mediante una primera búsqueda BLAST que incluya la secuencia de interés contra cualquier base de datos de secuencias, tal como la base de datos NCBI disponible públicamente que se puede encontrar en: Hipertext Transfer Protocol://World Wide Web (punto) ncbi (punto) nlm (punto) nih (punto) gov. Si se buscaran ortólogos en el arroz, la secuencia buscada en BLAST, por ejemplo, contra los 28.469 clones de cDNA de longitud completa de Oryza sativa Nipponbare disponibles en NCBI. Los resultados de BLAST pueden ser filtrados. Las secuencias de longitud completa de los resultados filtrados o los resultados no filtrados se buscan en BLAST (segundo BLAST) contra las secuencias del organismo del que se deriva la secuencia de interés. Los resultados del primer y segundo BLAST se comparan. Se identifica un ortólogo cuando la secuencia que resulta en

la puntuación más alta (mejor resultado) en el primer BLAST identifica en el segundo BLAST la secuencia problema (la secuencia original de interés) como el mejor resultado. Usando la misma parte, se encuentra un parólogo (homólogo de un gen en el mismo organismo). En el caso de familias de secuencias grandes, se puede utilizar el programa ClustalW [Hípertexto Transfer Protocol://World Wide Web (punto) ebi (punto) ac (punto) uk/Tools/clustalw2/index (punto) html], seguido de un árbol de unión de vecinos (Hípertexto Transfer Protocol://en (punto) wikipedia (punto) org/wiki/Neighbor-joining) que ayuda a visualizar el agrupamiento.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, el polinucleótido exógeno de la descripción codifica un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos de al menos aproximadamente 30%, 40%, 50%, 60%, 70% o al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99% o más, digamos 100% idénticos frente a la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62, 64, 66, 68, 70, 72, 74, 76, 78, 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92 y 94, siempre que se mantenga la actividad de la hexoquinasa de la proteína (como se describió anteriormente).

Como se usa en el presente documento, el término "polinucleótido" se refiere a una secuencia de ácido nucleico monocatenario o bicatenario que se aísla y proporciona en forma de una secuencia de ARN, una secuencia polinucleotídica complementaria (ADNc), una secuencia polinucleotídica genómica y/o secuencias de polinucleótidos compuestas (por ejemplo, una combinación de los anteriores).

El término "aislado" se refiere a al menos parcialmente separado del ambiente natural, por ejemplo, de una célula de planta.

Como se usa en este documento, la frase "secuencia de polinucleótidos complementaria" se refiere a una secuencia, que resulta de la transcripción inversa del ARN mensajero usando una transcriptasa inversa o cualquier otra ADN polimerasa dependiente de ARN. Dicha secuencia puede amplificarse posteriormente in vivo o in vitro usando una ADN polimerasa dependiente de ADN.

Como se usa en este documento, la frase "secuencia de polinucleótidos genómicos" se refiere a una secuencia derivada (aislada) de un cromosoma y, por lo tanto, representa una porción contigua de un cromosoma.

Como se usa en este documento, la frase "secuencia de polinucleótidos compuesta" se refiere a una secuencia, que es al menos parcialmente complementaria y al menos parcialmente genómica. Una secuencia compuesta puede incluir algunas secuencias exonales requeridas para codificar el polipéptido de la presente invención, así como algunas secuencias intrónicas que interactúan entre ellas. Las secuencias intrónicas pueden ser de cualquier fuente, incluyendo otros genes, e incluirán típicamente secuencias de señales de empalme conservadas. Dichas secuencias intrónicas pueden incluir además elementos reguladores de la expresión que actúan en cis.

Las secuencias de ácido nucleico que codifican los polipéptidos HXK de la presente descripción se pueden optimizar para la expresión. Los ejemplos de tales modificaciones de secuencia incluyen, pero no se limitan a, un contenido de G/C alterado para acercarse más al típico encontrado en las especies vegetales de interés, y la eliminación de codones atípicamente encontrados en las especies de plantas comúnmente denominadas optimización de codones.

La frase "optimización de codones" se refiere a la selección de nucleótidos de ADN apropiados para su uso dentro de un gen estructural o fragmento del mismo que se aproxima al uso de codones dentro de la planta de interés. Por lo tanto, un gen optimizado o una secuencia de ácido nucleico se refiere a un gen en el que la secuencia de nucleótidos de un gen nativo o natural se ha modificado con el fin de utilizar codones preferidos estadísticamente o estadísticamente favorecidos dentro de la planta. La secuencia de nucleótidos típicamente se examina a nivel de ADN y la región de codificación optimizada para la expresión en la especie de planta se determina usando cualquier procedimiento adecuado, por ejemplo como se describe en Sardana et al. (1996, Plant Cell Reports 15: 677 - 681). En este método, la desviación estándar del uso de codones, una medida del uso de codones, se puede calcular encontrando primero la desviación proporcional al cuadrado del uso de cada codón del gen nativo relativo a la de los genes de plantas altamente expresados, seguido de un cálculo de la desviación cuadrada promedio. La fórmula utilizada es: $1 \text{ SDCU} = n = 1/N [(X_n - Y_n)/Y_n]^2 / N$, donde X_n se refiere a la frecuencia de uso del codón n en genes vegetales altamente expresados, donde Y_n se refiere a la frecuencia de uso de codón n en el gen de interés y N se refiere al número total de codones en el gen de interés. Se compila una tabla de uso de codones de genes altamente expresados de plantas dicotiledóneas usando los datos de Murray et al. (1989, Nuc Acids Res. 17: 477-498).

Un método para optimizar la secuencia de ácido nucleico de acuerdo con el uso del codón preferencial para un tipo de célula vegetal particular se basa en el uso directo, sin realizar cálculos estadísticos adicionales, de tablas de optimización de codones tales como las proporcionadas en línea en la base de datos de uso de codones a través del banco de ADN NIAS (Instituto Nacional de Ciencias Agrobiológicas) en Japón (Hípertexto Transfer Protocol://World

Wide Web (punto) kazusa (punto) o (punto) jp/codon/). La base de datos de uso de codones contiene tablas de uso de codones para varias especies diferentes, habiéndose determinado cada tabla de uso de codones estadísticamente en función de los datos presentes en el Genbank.

Usando las Tablas anteriores para determinar los codones más preferidos o más favorecidos para cada aminoácido en una especie particular (por ejemplo, arroz), una secuencia de nucleótidos que se produce de manera natural que codifica una proteína de interés puede optimizarse con codones para esa especie de planta particular. Esto se efectúa reemplazando los codones que pueden tener una baja incidencia estadística en el genoma de la especie particular con los codones correspondientes, con respecto a un aminoácido, que son estadísticamente más favorecidos. Sin embargo, se pueden seleccionar uno o más codones menos favorecidos para eliminar los sitios de restricción existentes, para crear otros nuevos en uniones potencialmente útiles (extremos 5' y 3' para agregar casetes de péptido señal o de terminación, sitios internos que podrían usarse para cortar y empalmar segmentos juntos para producir una secuencia de longitud completa correcta), o eliminar secuencias de nucleótidos que pueden afectar negativamente a la estabilidad o expresión del mRNA.

La secuencia de nucleótidos codificante de origen natural puede, antes de cualquier modificación, contener con anterioridad una cantidad de codones que corresponde con un codón estadísticamente favorecido en una especie de planta particular. Por lo tanto, la optimización de codones de la secuencia de nucleótidos natural puede comprender determinar qué codones, dentro de la secuencia de nucleótidos natural, no están estadísticamente favorecidos con respecto a una planta particular, y modificar estos codones de acuerdo con una tabla de uso de codones de la planta particular para producir un codón optimizado derivado. Una secuencia de nucleótidos modificada puede optimizarse total o parcialmente para el uso de codones vegetales siempre que la proteína codificada por la secuencia de nucleótidos modificada se produzca a un nivel superior a la proteína codificada por el correspondiente gen natural o nativo correspondiente. La construcción de genes sintéticos alterando el uso de codones se describe, por ejemplo, en la solicitud de patente PCT 93/07278.

El término "planta", como se usa en el presente documento, abarca plantas enteras, ancestros y progenie de las plantas y partes de plantas (las que comprenden estomas pero no necesariamente), incluyendo semillas, brotes, tallos, raíces (incluyendo tubérculos) y células vegetales, tejidos y órganos. La planta puede estar en cualquier forma, incluidos cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejido calloso, hojas, gametofitos, esporofitos, polen y microsporas.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la planta es una planta dicotiledónea.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la planta es una planta monocotiledónea.

Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la descripción incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo un leguminosa de forraje o forrajera, planta ornamental, cultivo alimenticio, árbol o arbusto seleccionado de la lista que comprende *Acacia* spp., *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon* spp., *Arachis* spp., *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula* spp., *Brassica* spp., *Bruguiera gymnorrhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra* spp., *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens*, *Chacoomeles* spp., *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa*, *Dibeteropogon amplexans*, *Dioclea* spp., *Dolichos* spp., *Dorycnium recum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehaffia* spp., *Eleusine coracana*, *Eragrostis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperii*, *Eulalia villosa*, *Pagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana*, *Fragaria* spp., *Flemingia* spp., *Freyinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *GinAgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia* spp., *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp., *Hemaphysa altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hypochaeris dissoluta*, *Indigo incarnata*, *Iris* spp., *Leptarrhenia pyrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotiana* spp., *Onobrychis* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp., *Peltophorum africanum*, *Pennisetum* spp., *Persea gratissima*, *Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia* spp., *Picea glauca*, *Pinus* spp., *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonaffria squarrosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia*, *Rosa* spp., *Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys veffillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthes humilis*, *Tadehagi* spp., *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium* spp., *Triticum* spp., *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, *amaranto*, *alcachofa*, *espárragos*, *brócoli*, *coles de Bruselas*, *col*, *canola*, *zanahoria*, *coliflor*, *apio*, *col rizada*, *lino*, *col rizada*, *lentejas*, *colza*, *okra*, *cebolla*, *patata*, *arroz*, *soja*, *paja*, *remolacha azucarera*, *caña de azúcar*, *girasol*, *tomate*, *té de calabaza*, *maíz*, *trigo*, *cebada*, *centeno*, *avena*, *maní*, *arveja*, *lenteja* y *alfalfa*, *algodón*, *colza*, *canola*, *pimienta*, *girasol*, *tabaco*, *berenjena*, *eucalipto*, *un árbol*, *una planta ornamental*, *una hierba perenne* y *un*

cultivo forrajero.

Alternaturalmente, se pueden usar algas y otras sustancias distintas de Viridiplantae para los métodos de la presente descripción.

5 Según algunas realizaciones de la descripción, la planta utilizada por el método de la descripción es una planta de cultivo tal como arroz, maíz, trigo, cebada, maní, patata, sésamo, olivo, aceite de palma, plátano, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, mijo, leguminosas (judía, arveja), lino, lupino, colza, tabaco, álamo y algodón.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la planta es un tomate o un plátano.

10 De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la expresión del polinucleótido exógeno de la descripción dentro de la planta se efectúa introduciendo en una célula de planta (por ejemplo, transformando una o más células de la planta) un polinucleótido exógeno que codifica la HXK bajo un elemento regulador que actúa en cis para dirigir la expresión de HXK de una manera específica de las células de guarda, seguido de generar una planta madura a partir de las células transformadas y cultivar la planta madura en condiciones adecuadas para expresar el polinucleótido exógeno dentro de la planta madura.

15 Por lo tanto, se proporciona una construcción de expresión de planta que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica una hexoquinasa bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda y métodos que hacen uso de la misma.

También se proporciona un método para disminuir la conductancia de los estomas de las plantas, comprendiendo el método introducir en una célula de una planta la construcción de ácido nucleico descrita anteriormente, disminuyendo de ese modo la conductancia de los estomas de la planta.

20 Alternativa o adicionalmente, se proporciona un método para aumentar la eficacia del uso de agua de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de ácido nucleico descrita anteriormente, aumentando de ese modo la eficacia del uso de agua de la planta.

25 Alternativamente o adicionalmente se proporciona un método para aumentar la tolerancia de una planta a la sequía, salinidad o estrés térmico, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de ácido nucleico descrita anteriormente, aumentando así la tolerancia de la planta a la sequía y salinidad o al estrés térmico.

Alternativa o adicionalmente, se proporciona un método para aumentar la tolerancia al estrés biótico de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de ácido nucleico descrita anteriormente, aumentando de ese modo la tolerancia al estrés biótico de la planta.

30 Alternativa o adicionalmente, se proporciona un método para aumentar la biomasa, el vigor o el rendimiento de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de ácido nucleico, aumentando así la biomasa, el vigor o el rendimiento de la planta.

35 De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la transformación se efectúa introduciendo en la célula de planta una construcción de ácido nucleico que incluye el polinucleótido exógeno de algunas realizaciones de la descripción que codifica HXK (como se describió anteriormente) y un elemento regulador que actúa en cis específica de células de guarda. Más detalles de los enfoques de transformación adecuados se proporcionan a continuación.

40 Como se usa en la presente memoria, "elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda" se refiere a la capacidad de un elemento transcripcional para dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico bajo su regulación (p. ej., HXK) solo en células de guarda, dejando el resto de los tejidos de la planta sin modificar por expresión transgénica (por ejemplo, más del 90% del ARNm se expresa en el tejido de interés, según se detecta mediante RT-PCR). Los elementos reguladores que actúan en cis específicos de tejido pueden ser inducidos por factores endógenos o exógenos, por lo que también pueden clasificarse como promotores inducibles. En otros casos, se expresan constitutivamente.

45 Una secuencia de ácido nucleico codificante (por ejemplo, HXK) está "unida operativamente" a una secuencia reguladora (por ejemplo, promotor específico de células de guarda) si la secuencia reguladora es capaz de ejercer un efecto regulador sobre la secuencia de codificación unida a la misma.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, el elemento regulador que actúa en cis es un promotor.

50 Como se usa en el presente documento, el término "promotor" se refiere a una región de ADN que se encuentra cadena arriba del sitio de iniciación transcripcional de un gen al que se une ARN polimerasa para iniciar la transcripción de ARN. El promotor controla dónde (por ejemplo, qué porción de una planta) y/o cuándo (por ejemplo, en qué etapa o condición en la vida de un organismo) se expresa el gen.

Los ejemplos de promotores específicos de células de guarda incluyen, pero no se limitan a, los promotores enumerados en la Tabla 2 a continuación y el promotor KST1 usado en la sección de Ejemplos (SEQ ID NO: 108).

Tabla 2

	Promotor	Especie	Nº de entrada	Método de verificación	Ref.	Comentarios
1	promotor AtMYB 61	Arabidopsis thaliana	AT1G09540 (SEQ ID NO: 95)	GFP	(Liang et al., 2005)	Expresión específica en GC
2	promotor At1g22690 (pGC1)	Arabidopsis thaliana	At1g22690 (SEQ ID NO: 96)	GFP basado en reporter calcio FRET/GUS	(Yang et al., 2008)	Expresión específica en GC
3	promotor AtMYB60	Arabidopsis thaliana	At1g08810 (SEQ ID NO: 97)	GUS, GFP	(Cominelli et al., 2005; Galbiati et al., 2008; Cominelli et al., 2011)	Expresión específica en GC
4	Promotor factor de transcripción R2R3 MYB60	Vitis vinifera L.	ACF21938 (SEQ ID NO: 98)	GUS	(Galbiati et al., 2011)	Expresión específica en GC
5	promotor HIC (Alto dióxido de carbono)	Arabidopsis thaliana	AT2G46720 (SEQ ID NO: 99)	GUS	(Gray et al., 2000)	Expresión específica en GC
6	CYTOCHROM E P450 86A2 (CYP86A2) promotor mono-oxigenasa (pCYP)	Arabidopsis thaliana	At4g00360 (SEQ ID NO: 100)	GFP	(Francia et al., 2008; Galbiati et al., 2008)	Expresión específica en GC
7	Promotor ADP-glucosa pirofosforilasa (AGPasa)	Solanum tuberosum	X75017 (Promotor seq.) (SEQ ID NO: 101)	GUS	(Muller-Rober et al., 1994)	0,3 Kb promotor proximal 5' – expresión GC exclusiva
8	promotor KAT1	Arabidopsis thaliana	AT5G46240 (gen), U25088 (promotor+gen seq.) (SEQ ID NO:102)	GUS	(Nakamura et al., 1995)	Expresión específica en GC. Sin embargo, se detectó también en el tejido vascular de las raíces
9	promotor Mirosinasa-Tioglicosido glucohidrolasa 1 (TGG1)	Arabidopsis thaliana	At5g26000 (SEQ ID NO: 103)	GUS, GFP	(Husebye et al., 2002)	Expresión específica en GC. Distinta expresión en floema
10	promotor rha1	Arabidopsis thaliana	AT5G45130 (SEQ ID NO: 104)	GUS	(Terry et al., 1993)	Principalmente expresado (no específico) en GC
11	promotor AtCHX20	Arabidopsis thaliana	AT3G53720 (SEQ ID NO: 105)	GUS	(Padmanaban et al., 2007)	Expresión específica en GC

GC - celda de guarda. GFP - proteína de fluorescencia verde. GUS - gen indicador de β -glucuronidasa.

El compuesto de ácido nucleico de algunas realizaciones de la descripción puede incluir además un marcador seleccionable apropiado y/o un origen de replicación. De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, el compuesto de ácido nucleico utilizado es un vector lanzadera, que puede propagarse tanto en *E. coli* (donde el compuesto comprende un marcador seleccionable apropiado y el origen de replicación) y ser compatible con la propagación en las células. El compuesto de acuerdo con la presente invención puede ser, por ejemplo, un plásmido, un bácmido, un fagémido, un cósmido, un fago, un virus o un cromosoma artificial.

El compuesto de ácido nucleico de algunas realizaciones de la descripción puede utilizarse para transformar las células vegetales de forma estable o transitoria. En la transformación estable, el polinucleótido exógeno se integra en el genoma de la planta y, como tal, representa un rasgo heredado y estable. En la transformación transitoria, el polinucleótido exógeno es expresado por la célula transformada pero no está integrado en el genoma y, como tal, representa un rasgo transitorio.

Existen varios métodos para introducir genes extraños en plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas (Potrykus, I., *Annu. Rev. Plant. Physiol., Plant. Mol. Biol.* (1991) 42: 205 - 225; Shimamoto et al., *Nature* (1989) 338: 274 - 276).

Los métodos principales para causar la integración estable del ADN exógeno en el ADN genómico de la planta incluyen dos enfoques principales:

(i) Transferencia génica mediada por *Agrobacterium*: Klee et al. (1987) *Annu. Rev. Plant Physiol.* 38: 467-486; Klee y Rogers en *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants*, vol. 6, *Biología Molecular of Plant Nuclear Genes*, eds. Schell, J., y Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) p. 2-25; Gatenby, en *Plant Biotechnology*, eds. Kung, S. y Arntzen, C. J., Butterworth Publishers, Boston, Mass. (1989) p. 93- 112.

(ii) Adsorción directa de ADN: Paszkowski et al., en *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants*, vol. 6, *Molecular Biology of Plant Nuclear Genes* eds. Schell, J., y Vasil, L. K., Academic Publishers, San Diego, Calif. (1989) p. 52-68; incluyendo métodos para la captación directa de ADN en protoplastos, Toriyama, K. et al. (1988) *Bio/Technology* 6: 1072 - 1074. Absorción de ADN inducida por una breve descarga eléctrica de las células vegetales: Zhang et al. *Plant Cell Rep.* (1988) 7: 379 - 384. Fromm et al. *Nature* (1986) 319: 791 - 793. Inyección de ADN en células o tejidos vegetales por bombardeo de partículas, Klein et al. *Bio/Technology* (1988) 6: 559 - 563; McCabe et al. *Bio/Technology* (1988) 6: 923 - 926; Sanford, *Physiol. Plant.* (1990) 79: 206 - 209; mediante el uso de sistemas de micropipetas: Neuhaus et al., *Theor. Appl. Genet.* (1987) 75: 30 - 36; Neuhaus y Spangenberg, *Physiol. Plant.* (1990) 79: 213 - 217; transformación de fibras de vidrio o de triquitos de carburo de silicio de cultivos de células, embriones o tejido calloso, patente de EE.UU. N° 5.464.765 o mediante la incubación directa de ADN con polen en germinación, DeWet et al. en *Experimental Manipulation of Ovule Tissue*, eds. Chapman, G. P. y Mantell, S. H. y Daniels, W. Longman, Londres, (1985) p. 197-209; y Ohta, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* (1986) 83: 715 - 719.

El sistema de *Agrobacterium* incluye el uso de vectores plasmídicos que contienen segmentos de ADN definidos que se integran en el ADN genómico de la planta. Los métodos de inoculación del tejido de la planta varían dependiendo de la especie de la planta y del sistema de administración de *Agrobacterium*. Un enfoque ampliamente utilizado es el procedimiento del disco de la hoja que se puede realizar con cualquier explante de tejido que proporcione una buena fuente para el inicio de la diferenciación de la planta entera. Véase, por ejemplo, Horsch et al. en *Plant Molecular Biology Manual A5*, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (1988) p. 1-9. Un enfoque suplementario emplea el sistema de administración de *Agrobacterium* en combinación con la infiltración al vacío. El sistema de *Agrobacterium* es especialmente viable en la creación de plantas dicotiledóneas transgénicas.

Existen varios métodos de transferencia directa de ADN a las células vegetales. En la electroporación, los protoplastos se exponen brevemente a un fuerte campo eléctrico. En la microinyección, el ADN se inyecta mecánicamente directamente en las células utilizando micropipetas muy pequeñas. En el bombardeo de micropartículas, el ADN se adsorbe en microproyectiles tales como cristales de sulfato de magnesio o partículas de tungsteno, y los microproyectiles se aceleran físicamente en células o tejidos vegetales.

Después de la transformación estable se ejerce la propagación de la planta. El método más común de propagación de plantas es por semilla. La regeneración por propagación de semillas, sin embargo, tiene la deficiencia que debido a la heterocigosidad hay una falta de uniformidad en el cultivo, ya que las semillas son producidas por las plantas de acuerdo con las variaciones genéticas gobernadas por las reglas mendelianas. Básicamente, cada semilla es genéticamente diferente y cada una crecerá con sus propios rasgos específicos. Por lo tanto, se prefiere que la planta transformada se produzca de tal manera que la planta regenerada tenga los mismos rasgos y características de la planta transgénica madre. Por lo tanto, se prefiere que la planta transformada sea regenerada por la micropropagación que proporciona una reproducción rápida y uniforme de las plantas transformadas.

La micropropagación es un proceso de crecimiento de plantas de nueva generación a partir de una sola pieza de tejido que ha sido extirpada de una planta original o variedad seleccionada. Este proceso permite la reproducción en masa de plantas que tienen el tejido preferido que expresa la proteína de fusión. Las plantas de nueva generación que se producen son genéticamente idénticas y tienen todas las características de la planta original. La micropropagación permite la producción en masa de material vegetal de calidad en un corto período de tiempo y ofrece una multiplicación rápida de cultivares seleccionados en la preservación de las características de la planta original transgénica o transformada. Las ventajas de las plantas de clonación son la velocidad de multiplicación de las plantas y la calidad y uniformidad de las plantas producidas.

La micropropagación es un procedimiento de etapas múltiples que requiere la alteración del medio de cultivo o las condiciones de crecimiento entre etapas. Por lo tanto, el proceso de micropropagación implica cuatro etapas básicas: Primera etapa, cultivo inicial del tejido; etapa dos, multiplicación del cultivo del tejido; etapa tres,

diferenciación y formación de la planta; y la cuarta etapa, cultivo en invernadero y consolidación. Durante la etapa uno, cultivo de tejido inicial, el cultivo de tejido se establece y se certifica que está libre de contaminantes. Durante la etapa dos, el cultivo tisular inicial se multiplica hasta que se produce una cantidad suficiente de muestras de tejido para cumplir los objetivos de producción. Durante la etapa tres, las muestras de tejido cultivadas en la etapa dos se dividen y crecen en plántulas individuales. En la etapa cuatro, las plántulas transformadas se transfieren a un invernadero para su consolidación donde la tolerancia de las plantas a la luz se incrementa gradualmente para que puedan crecer en un entorno natural.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, las plantas transgénicas se generan por transformación transitoria de células de hoja, células meristemáticas o la planta completa.

- 10 La transformación transitoria puede efectuarse mediante cualquiera de los métodos de transferencia directa de ADN descritos anteriormente o mediante infección viral usando virus de plantas modificados.

Los virus que se ha demostrado que son útiles para la transformación de huéspedes de plantas incluyen CaMV, el virus del mosaico de tabaco (TMV), el virus del mosaico de bromo (BMV) y el virus del mosaico común de la judía (BV o BCMV). La transformación de plantas que usan virus de plantas se describe en la patente de EE.UU. N° 4.855.237 (virus del mosaico dorado de la judía; BGV), documento EP-A 67.553 (TMV), solicitud japonesa publicada n° 63-14693 (TMV), documento EPA 194.809 (BV), documento EPA 278.667 (BV); y Gluzman, Y. et al., Communications in Molecular Biology: Viral Vectors, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York, pp. 172-189 (1988). Las partículas de pseudovirus para usar en la expresión de ADN extraño en muchos huéspedes, incluyendo plantas, se describen en el documento WO 87/06261.

- 20 De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, los virus usados para transformaciones transitorias no son virulentos y, por lo tanto, son incapaces de causar síntomas graves tales como una velocidad de crecimiento reducida, mosaico, manchas anulares, enrollamiento de hojas, amarilleo, estrías, formación de viruela, formación de tumores y picaduras. Un virus no virulento adecuado puede ser un virus no virulento natural o un virus artificialmente atenuado. La atenuación de virus puede efectuarse usando métodos bien conocidos en la técnica que incluyen, pero no se limitan a, calentamiento sub-lethal, tratamiento químico o mediante técnicas de mutagénesis dirigida tales como las descritas, por ejemplo, por Kurihara y Watanabe (Molecular Plant Pathology 4: 259-269, 2003), Galon et al. (1992), Atreya et al. (1992) y Huet et al. (1994).

Se pueden obtener cepas de virus adecuadas a partir de fuentes disponibles tales como, por ejemplo, la American Tipo Culture Collection (ATCC) o mediante el aislamiento de plantas infectadas. El aislamiento de virus de tejidos vegetales infectados puede efectuarse por técnicas bien conocidas en la técnica, tal como se describe, por ejemplo, por Foster y Taylor, Eds. "Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Humana Press, 1998. Brevemente, los tejidos de una planta infectada que se cree que contienen una alta concentración de virus adecuados, preferiblemente hojas jóvenes y pétalos de flores, se muelen en una solución tampón (por ejemplo, solución tampón de fosfato) para producir una savia infectada con virus que se puede usar en posteriores inoculaciones

La construcción de virus de ARN de plantas para la introducción y expresión de secuencias de polinucleótidos exógenos no virales en plantas se demuestra por las referencias anteriores así como por Dawson, W. O. et al., Virology (1989) 172: 285-292; Takamatsu et al. EMBO J. (1987) 6: 307 - 311; French et al. Science (1986) 231: 1294 - 1297; Takamatsu et al. FEBS Letters (1990) 269: 73 - 76; y la patente de los EE. UU. No. 5.316.931.

- 40 Cuando el virus es un virus de ADN, se pueden hacer las modificaciones adecuadas al virus mismo. Alternativamente, los virus pueden clonarse primero en un plásmido bacteriano para facilitar la construcción del vector viral deseado con el ADN extraño. Los virus se pueden escindir del plásmido. Si el virus es un virus de ADN, se puede unir un origen bacteriano de replicación al ADN viral, que luego es replicado por la bacteria. La transcripción y la traducción de este ADN producirán la proteína de la cubierta que encapsidará el ADN viral. Si el virus es un virus de ARN, el virus generalmente se clona como un ADNc y se inserta en un plásmido. El plásmido se usa entonces para hacer todas las construcciones. El virus de ARN se produce transcribiendo la secuencia viral del plásmido y la traducción de los genes virales para producir la(s) proteína(s) de la cubierta que encapsulan el ARN viral.

En una realización, se proporciona un polinucleótido vírico de planta en el que la secuencia codificante de proteína de cubierta natural se ha eliminado de un polinucleótido vírico, una secuencia de codificación de proteína de cubierta viral de planta no natural y un promotor no nativo, preferiblemente se ha insertado el promotor subgenómico de la secuencia codificante de la proteína de cubierta no natural, capaz de expresarse en el huésped de la planta, empaquetar el polinucleótido vírico de la planta recombinante y asegurar una infección sistémica del huésped por el polinucleótido vírico de la planta recombinante. Alternativamente, el gen de la proteína de la cubierta se puede inactivar mediante la inserción de la secuencia de polinucleótidos no natural dentro de la misma, de manera que se produce una proteína. El polinucleótido vírico de planta recombinante puede contener uno o más promotores subgenómicos no nativos adicionales. Cada promotor subgenómico no nativo es capaz de transcribir o expresar genes adyacentes o secuencias de polinucleótidos en la planta huésped e incapaz de recombinación entre sí y con promotores subgenómicos nativos. Pueden insertarse secuencias de polinucleótidos no naturales (extrañas)

adyacentes al promotor subgenómico vírico de plantas naturales o los promotores subgenómicos víricos de plantas naturales y no naturales si se incluye más de una secuencia de polinucleótidos. Las secuencias de polinucleótidos no naturales se transcriben o expresan en la planta huésped bajo el control del promotor subgenómico para producir los productos deseados.

- 5 En una segunda realización, se proporciona un polinucleótido vírico vegetal recombinante como en la primera realización, excepto que la secuencia codificante de proteína de cubierta natural se coloca adyacente a uno de los promotores subgenómicos de proteína de cubierta no natural en lugar de una secuencia codificante de proteína de cubierta no natural.

- 10 En una tercera realización, se proporciona un polinucleótido vírico de planta recombinante en el que el gen de la proteína de la cubierta natural es adyacente a su promotor subgenómico y se han insertado uno o más promotores subgenómicos no nativos en el polinucleótido vírico. Los promotores subgenómicos no nativos insertados son capaces de transcribir o expresar genes adyacentes en un huésped vegetal y son incapaces de recombinación entre sí y con promotores subgenómicos nativos. Pueden insertarse secuencias de polinucleótidos no naturales adyacentes a los promotores virales de plantas subgenómicas no naturales de modo que las secuencias se transcriban o expresen en la planta huésped bajo el control de los promotores subgenómicos para producir el producto deseado.

En una cuarta realización, se proporciona un polinucleótido vírico de planta recombinante como en la tercera realización, excepto que la secuencia de codificación de proteína de cubierta natural se reemplaza por una secuencia de codificación de proteína de cubierta no natural.

- 20 Los vectores virales están encapsidados por las proteínas de la cubierta codificadas por el polinucleótido vírico de la planta recombinante para producir un virus de planta recombinante. El polinucleótido vírico de la planta recombinante o virus de la planta recombinante se usa para infectar las plantas hospedantes apropiadas. El polinucleótido vírico vegetal recombinante es capaz de replicarse en el huésped, diseminarse de forma sistémica en el hospedador y producir la transcripción o expresión de gen(es) extraño(s) (polinucleótido exógeno) en el huésped para producir la proteína deseada.

- Las técnicas para la inoculación de virus a las plantas se pueden encontrar en Foster y Taylor, eds. "Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Humana Press, 1998; Maramorosh y Koprowski, eds. "Methods in Virology" 7 vols, Academic Press, Nueva York 1967-1984; Hill, S.A. "Methods in Plant Virology", Blackwell, Oxford, 1984; Walkey, D.G.A. "Applied Plant Virology", Wiley, Nueva York, 1985; y Kado y Agrawa, eds. "Principles and Techniques in Plant Virology", Van Nostrand-Reinhold, Nueva York.

Además de lo anterior, el polinucleótido de la presente descripción también se puede introducir en un genoma de cloroplasto permitiendo de este modo la expresión de cloroplastos.

- 35 Se conoce una técnica para introducir secuencias de polinucleótidos exógenos en el genoma de los cloroplastos. Esta técnica implica los siguientes procedimientos. En primer lugar, las células vegetales se tratan químicamente para reducir la cantidad de cloroplastos por célula a aproximadamente uno. Luego, el polinucleótido exógeno se introduce mediante bombardeo de partículas en las células con el objetivo de introducir al menos una molécula de polinucleótido exógeno en los cloroplastos. Los polinucleótidos exógenos se seleccionan de manera que sean integrables en el genoma del cloroplasto mediante recombinación homóloga que se efectúa fácilmente mediante 40 enzimas inherentes al cloroplasto. Para este fin, el polinucleótido exógeno incluye, además de un gen de interés, al menos un tramo de polinucleótido que se deriva del genoma del cloroplasto. Además, el polinucleótido exógeno incluye un marcador seleccionable, que sirve mediante procedimientos de selección secuencial para determinar que todas o sustancialmente todas las copias de los genomas del cloroplasto después de dicha selección incluirán el polinucleótido exógeno. Se encuentran detalles adicionales relacionados con esta técnica en las patentes de EE.UU. 45 Números 4.945.050 y 5.693.507. De este modo, puede producirse un polipéptido mediante el sistema de expresión de proteínas del cloroplasto y puede integrarse en la membrana interna del cloroplasto.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, el método comprende además hacer crecer la planta que expresa el polinucleótido exógeno bajo estrés biótico o abiótico (por ejemplo, sequía, privación de agua o estrés térmico).

- 50 Por lo tanto, la descripción abarca plantas (transgénicas), partes de las mismas o células vegetales, que expresan exógenamente los polinucleótidos o los constructos de ácidos nucleicos de la descripción.

- Una vez expresado dentro de la célula vegetal o la planta completa, el nivel del polipéptido codificado por el polinucleótido exógeno puede determinarse por métodos bien conocidos en la técnica tales como ensayos de actividad, transferencias de Western usando anticuerpos capaces de unirse específicamente al polipéptido, ensayo 55 de inmunoabsorción ligado a enzima (ELISA), radioinmunoanálisis (RIA), inmunohistoquímica, inmunocitoquímica, inmunofluorescencia y similares.

Los métodos para determinar el nivel en la planta del ARN transcrito a partir del polinucleótido exógeno son bien

conocidos en la técnica e incluyen, por ejemplo, análisis de transferencia Northern, análisis de reacción en cadena de la polimerasa de transcripción inversa (RT-PCR) (incluyendo RT-PCR cuantitativa, semicuantitativa o en tiempo real) e hibridación de ARN in situ.

- 5 El efecto del HXK expresado sobre la conductancia de los estomas de las plantas (por ejemplo, manifestado por la apertura), la eficiencia del uso del agua, la eficiencia del uso del agua y/o la fotosíntesis pueden calificarse usando métodos que son bien conocidos en la técnica. Los ensayos de funcionalidad de estomas se describen ampliamente en la sección de Ejemplos que sigue.

El efecto del polinucleótido exógeno que codifica la HXK sobre la tolerancia al estrés abiótico se puede determinar usando métodos conocidos tales como los detallados a continuación y en la sección de Ejemplos que sigue.

- 10 Tolerancia al estrés abiótico: las plantas transformadas (es decir, que expresan HXK) y las plantas no transformadas (de tipo silvestre) se exponen a condiciones de estrés biótico o abiótico, tal como la privación de agua o la temperatura inferior a la óptima (baja temperatura, alta temperatura).

- 15 Tolerancia al estrés por frío: para analizar el estrés por frío, se transfieren plantas maduras (de 25 días) a cámaras de 4°C durante 1 ó 2 semanas, con luz constitutiva. Más tarde, las plantas se devuelven al invernadero. Dos semanas más tarde se comparan los daños del período de enfriamiento, que retrasan el crecimiento y otros fenotipos, entre plantas control y transgénicas, midiendo el peso de la planta (húmedo y seco) y comparando las tasas de crecimiento medidas como tiempo de floración, tamaño de la planta, rendimiento, y similares.

- 20 Tolerancia al estrés térmico: la tolerancia al estrés térmico se logra al exponer las plantas a temperaturas superiores a los 34°C durante un cierto período. La tolerancia de la planta se examina después de transferir las plantas de nuevo a 22°C para su recuperación y evaluación después de 5 días en relación con los controles internos (plantas no transgénicas) o plantas no expuestas ni al frío ni al estrés por calor.

- 25 Eficiencia en el uso del agua: se puede determinar como la biomasa producida por unidad de transpiración. Para analizar WUE, el contenido de agua relativa de la hoja se puede medir en plantas control y transgénicas. El peso fresco (FW) se registra inmediatamente; luego las hojas se empapan durante 8 horas en agua destilada a temperatura ambiente en la oscuridad, y se registra el peso turgente (TW). El peso seco total (DW) se registra después de secar las hojas a 60°C hasta un peso constante. El contenido relativo de agua (RWC) se calcula.

- 30 Ensayo de tolerancia a la salinidad: se espera que las plantas transgénicas con tolerancia a altas concentraciones de sal exhiban una mejor germinación, vigor de plántulas o crecimiento con alto contenido de sal. El estrés salino puede efectuarse de muchas maneras, como, por ejemplo, irrigando las plantas con una solución hiperosmótica, cultivando las plantas hidropónicamente en una solución de crecimiento hiperosmótico (por ejemplo, solución de Hoagland), o cultivando las plantas en un medio de crecimiento hiperosmótico [por ejemplo, 50% de medio Murashige-Skoog (medio MS)]. Dado que las diferentes plantas varían considerablemente en su tolerancia a la salinidad, puede ajustarse la concentración de sal en el agua de riego, solución de crecimiento o medio de crecimiento de acuerdo con las características específicas del cultivo o variedad específica de la planta, para infligir un efecto leve o moderado sobre la fisiología y/o la morfología de las plantas (para ver las pautas sobre la concentración adecuada, véase Bernstein y Kafkafi, Root Growth Under Salinity Stress en: Plant Roots, The Hidden Half 3ª ed. Waisel Y, Eshel A y Kafkafi U. (editores) Marcel Dekker Inc., Nueva York, 2002, y la referencia en el mismo).

- 40 Por ejemplo, puede realizarse una prueba de tolerancia a la salinidad irrigando las plantas en diferentes etapas de desarrollo con concentraciones crecientes de cloruro de sodio (por ejemplo 50 mM, 100 mM, 200 mM, 400 mM de NaCl) aplicadas desde abajo y desde arriba para asegurar una dispersión uniforme de la sal. Después de la exposición a la condición de estrés, las plantas son monitoreadas frecuentemente hasta que aparecen efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales en las plantas silvestres. Por lo tanto, la apariencia fenotípica externa, el grado de marchitez y el éxito general para alcanzar la madurez y el rendimiento de la progenie se comparan entre las plantas control y las transgénicas.

- 45 Los parámetros cuantitativos de tolerancia medidos incluyen, entre otros, sin limitación, el peso medio húmedo y seco, la tasa de crecimiento, el tamaño de la hoja, la cobertura foliar (área foliar global), el peso de las semillas, el tamaño medio de las semillas y el número de semillas producido por planta. Las plantas transformadas que no muestran efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales, o que exhiben una biomasa más alta que las plantas de tipo silvestre, se identifican como plantas tolerantes al estrés abiótico.

- 50 Prueba de tolerancia osmótica: se realizan ensayos de estrés osmótico (que incluyen análisis de cloruro de sodio y manitol) para determinar si un fenotipo de estrés osmótico era específico del cloruro de sodio o si era un fenotipo relacionado con el estrés osmótico general. Las plantas que son tolerantes al estrés osmótico pueden tener más tolerancia a la sequía y/o la congelación. Para experimentos de germinación de estrés salino y osmótico, el medio se complementa, por ejemplo, con 50 mM, 100 mM, 200 mM de NaCl o 100 mM, 200 mM de NaCl, 400 mM de manitol.

El efecto del transgén sobre el vigor, la velocidad de crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el contenido de aceite de la planta se puede determinar utilizando métodos conocidos.

Vigor de la planta: el vigor de la planta puede calcularse mediante el aumento de los parámetros de crecimiento tales como el área foliar, la longitud de la fibra, el diámetro de la roseta, el peso fresco de la planta y similares por el tiempo.

5 Tasa de crecimiento: la tasa de crecimiento puede medirse utilizando un análisis digital de las plantas en crecimiento. Por ejemplo, se pueden registrar las imágenes de las plantas que crecen en el invernadero respecto a una parcela cada 3 días y el área de la roseta se puede calcular mediante análisis digital. El crecimiento del área de la roseta se calcula usando la diferencia del área de la roseta entre los días de muestreo dividida por la diferencia en días entre las muestras.

10 Como se mencionó, las presentes enseñanzas también se dirigen a la regulación a la baja de la actividad o expresión de HXK en una manera específica de las células de guarda. Esto se efectúa para aumentar la deshidratación de la planta cuando sea necesario. Por ejemplo, cuando hay una necesidad de acelerar la desfoliación antes o después de la cosecha, tal como en cultivos de algodón y otros, o para la deshidratación de hojas y tallos para paja, por ejemplo.

15 La regulación a la baja (silenciamiento génico) del producto de transcripción o traducción de una HXK endógena en una manera específica de las células de guarda puede lograrse mediante supresión conjunta, supresión antisentido, interferencia de ARN y moléculas de ribozima bajo el elemento regulador que actúa en cis mencionado anteriormente activo específicamente en una célula de guarda.

20 Por lo tanto, se proporciona una construcción de expresión de planta que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un agente de ácido nucleico para silenciar la expresión de una hexoquinasa, en donde la expresión de dicho agente de ácido nucleico está bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda (como se describió anteriormente).

25 Supresión conjunta (supresión de sentido) - La inhibición del gen endógeno se puede lograr por supresión conjunta, usando una molécula de ARN (o un vector de expresión que codifica la misma) que está en la orientación de sentido con respecto a la dirección de transcripción del gen endógeno. El polinucleótido usado para la supresión conjunta puede corresponder a la totalidad o a una parte de la secuencia que codifica el polipéptido endógeno y/o a toda o parte de la región no traducida 5' y/o 3' del transcrito endógeno; también puede ser un ARN no poliadenilado; un ARN que carece de una estructura cap de 5'; o un ARN que contiene un intrón no aplicable. En algunas realizaciones, el polinucleótido usado para la supresión conjunta está diseñado para eliminar el codón de inicio del polinucleótido endógeno de manera que no se traducirá ningún producto proteico. Los métodos de supresión conjunta que usan una secuencia de ADNc de longitud completa así como una secuencia de ADNc parcial son conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos N° 5.231.020).

30 De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la regulación a la baja del gen endógeno se realiza usando un vector de expresión de amplicón que comprende una secuencia derivada de virus de planta que contiene todo o parte del gen diana pero generalmente no todos los genes de los virus nativos. Las secuencias virales presentes en el producto de transcripción del vector de expresión permiten que el producto de transcripción dirija su propia replicación. Los transcritos producidos por el amplicón pueden ser sentido o antisentido con relación a la secuencia diana [véase, por ejemplo, Angell y Baulcombe, (1997) EMBO J. 16: 3675-3684; Angell y Baulcombe, (1999) Plant J. 20: 357 - 362, y la patente de EE.UU. N° 6.646.805].

35 Supresión antisentido: la supresión antisentido puede realizarse usando un polinucleótido antisentido o un vector de expresión que esté diseñado para expresar una molécula de ARN complementaria a todo o parte del ARN mensajero (ARNm) que codifica el polipéptido endógeno y/o a todo o parte de la región 5' y/o 3' no traducida del gen endógeno. La sobreexpresión de la molécula de ARN antisentido puede dar como resultado una expresión reducida del gen nativo (endógeno). El polinucleótido antisentido puede ser completamente complementario a la secuencia diana (es decir, 100% idéntico al complemento de la secuencia diana) o parcialmente complementario a la secuencia diana (es decir, menos del 100% idéntico, por ejemplo, menos del 90%, menos que 80% idéntico al complemento de la secuencia diana). La supresión antisentido se puede usar para inhibir la expresión de proteínas múltiples en la misma planta (véase, por ejemplo, la Patente de Estados Unidos N° 5.942.657). Además, se pueden usar porciones de los nucleótidos antisentido para interrumpir la expresión del gen diana. Generalmente, pueden ser usadas secuencias de al menos aproximadamente 50 nucleótidos, al menos aproximadamente 100 nucleótidos, al menos aproximadamente 200 nucleótidos, al menos aproximadamente 300, al menos aproximadamente 400, al menos aproximadamente 450, al menos aproximadamente 500, al menos aproximadamente 550 o mayores. Los métodos para usar la supresión antisentido para inhibir la expresión de genes endógenos en plantas se describen, por ejemplo, en Liu, et al, (2002) Plant Physiol. 129: 1732 - 1743 y las patentes de los EE.UU. Nos. 5.759.829 y 5.942.657. La eficacia de la supresión antisentido puede aumentarse incluyendo una región poli-dT en el casete de expresión en una posición 3' con respecto a la secuencia antisentido y 5' de la señal de poliadenilación [Véase la publicación de patente estadounidense n.º 20020048814].

Interferencia de ARN: la interferencia del ARN se puede lograr usando un polinucleótido que puede hibridarse consigo mismo y formar un ARN bicatenario que tiene una estructura de tallo-bucle (también denominada estructura en horquilla) o que usa dos polinucleótidos que forman un ARN bicatenario.

Para la interferencia de ARN de horquilla (hpRNA), el vector de expresión está diseñado para expresar una molécula de ARN que se hibrida consigo misma para formar una estructura en horquilla que comprende una región de bucle monocatenaria y un tallo emparejado con bases.

En algunas realizaciones de la descripción, la región del tallo emparejada con bases de la molécula de hpRNA determina la especificidad de la interferencia de ARN. En esta configuración, la secuencia sentido de la región del tallo emparejado con bases puede corresponder a todo o parte del ARNm endógeno que se regula negativamente, o a una porción de una secuencia promotora que controla la expresión del gen endógeno que se va a inhibir; y la secuencia antisentido de la región del tallo emparejado con bases es total o parcialmente complementaria a la secuencia sentido. Tales moléculas de hpRNA son altamente eficaces para inhibir la expresión de genes endógenos, de una manera que es heredada por generaciones posteriores de plantas [Véase, por ejemplo, Chuang y Meyerowitz, (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 97: 4985-4990; Stoutjesdijk, et al., (2002) *Plant Physiol.* 129: 1723 - 1731; y Waterhouse y Helliwell, (2003) *Nat. Rev. Genet.* 4: 29-38; Chuang y Meyerowitz, (2000) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 97: 4985-4990; Pandolfini et al., *BMC Biotechnology* 3:7; Panstruga, et al., (2003) *Mol. Biol. Rep.* 30: 135-140; y la Publicación de Patente de Estados Unidos N° 2003/0175965].

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la secuencia sentido del tallo emparejado con bases es de aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 2.500 nucleótidos de longitud, por ejemplo, de aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 500 nucleótidos, por ejemplo, de aproximadamente 15 nucleótidos a aproximadamente 300 nucleótidos, por ejemplo, de aproximadamente 20 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, por ejemplo, o de aproximadamente 25 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos.

Según algunas realizaciones de la invención, la secuencia antisentido del tallo emparejado con bases puede tener una longitud que sea más corta, igual o mayor que la longitud de la secuencia sentido correspondiente.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la porción de bucle del hpRNA puede tener de aproximadamente 10 nucleótidos a aproximadamente 500 nucleótidos de longitud, por ejemplo de aproximadamente 15 nucleótidos a aproximadamente 100 nucleótidos, de aproximadamente 20 nucleótidos a aproximadamente 300 nucleótidos o de aproximadamente 25 nucleótidos a aproximadamente 400 nucleótidos de longitud.

De acuerdo con algunas realizaciones de la descripción, la porción de bucle del hpRNA puede incluir un intrón (ihpRNA), que es capaz de empalmarse en la célula huésped. El uso de un intrón minimiza el tamaño del bucle en la molécula de ARN en horquilla después del corte y empalme y así aumenta la eficacia de la interferencia [Véase, por ejemplo, Smith, et al, (2000) *Nature* 407: 319-320; Wesley, et al., (2001) *Plant J.* 27: 581 - 590; Wang y Waterhouse, (2001) *Curr. Opin. Plant Biol.* 5:146-150; Helliwell and Waterhouse, (2003) *Methods* 30: 289 - 295; Brummell, et al. (2003) *Plant J.* 33: 793 - 800; y la Publicación de Patente de Estados Unidos N° 2003/0180945; documentos WO 98/53083; WO 99/32619; WO 98/36083; WO 99/53050; US 20040214330; US 20030180945; Pat. U.S. No. 5.034.323; Pat. U.S. No. 6.452.067; Pat. U.S. No. 6.777.588; Pat. U.S. N° 6.573.099 y Pat. U.S. N° 6.326.527].

En algunas realizaciones de la descripción, la región de bucle del ARN de horquilla determina la especificidad de la interferencia de ARN a su ARN endógeno objetivo. En esta configuración, la secuencia de bucle corresponde a todo o parte del ARN mensajero endógeno del gen diana. Véase, por ejemplo, el documento WO 02/00904; Mette, et al., (2000) *EMBO J* 19: 5194 - 5201; Matzke, et al., (2001) *Curr. Opin. Genet. Devel.* 11: 221 - 227; Scheid, et al., (2002) *Proc. Natl. Acad. Sci., USA* 99: 13659 - 13662; Aufsatz, et al., (2002) *Proc. Nat'l. Acad. Sci.* 99(4): 16499 - 16506; Sijen, et al, *Curr. Biol.* (2001) 11: 436-440).

Para la interferencia de ARN bicatenario (dsRNA), las moléculas de ARN sentido y antisentido se pueden expresar en la misma célula a partir de un único vector de expresión (que comprende secuencias de ambas cadenas) o a partir de dos vectores de expresión (cada uno comprende la secuencia de una de las hebras). Los métodos para usar la interferencia de dsRNA para inhibir la expresión de genes de plantas endógenas se describen en Waterhouse, et al., (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95: 13959 - 13964; y documentos WO 99/49029, WO 99/53050, WO 99/61631, y WO 00/49035.

De acuerdo con algunas realizaciones de la invención, la interferencia de ARN se efectúa usando un vector de expresión diseñado para expresar una molécula de ARN que está modelada en un gen de micro ARN endógeno (miARN). Los microARN (miARN) son agentes reguladores que consisten en aproximadamente 22 ribonucleótidos y altamente eficaces para inhibir la expresión de genes endógenos [Javier, et al., (2003) *Nature* 425: 257 - 263]. El gen miARN codifica un ARN que forma una estructura en horquilla que contiene una secuencia de 22 nucleótidos que es complementaria al gen diana endógeno.

Por lo tanto, las presentes enseñanzas proporcionan una planta transgénica o una parte de la misma que comprende la construcción de expresión de planta como se describe en este documento así como una célula vegetal aislada o un cultivo celular de planta que comprende la construcción de expresión de planta como se describe en este documento.

Las presentes enseñanzas también se refieren a productos procesados producidos a partir de las plantas, partes de plantas o células vegetales de la presente descripción. Dichos productos procesados se refieren a alimentos,

alimentos para animales, bebidas, materiales de construcción, biocombustibles, biodiesel, aceites, salsas, pastas, pasteles, comidas y similares.

Se espera que durante la vida de la planta que surja a partir de esta aplicación se desarrollen muchas hexoquinasas relevantes y elementos reguladores específicos que actúan en cis específicos de células de guarda y el alcance de los términos utilizados en este documento pretenden incluir todas estas nuevas tecnologías a priori.

Como se usa en el presente documento, el término "aproximadamente" se refiere a $\pm 10\%$.

Los términos "comprende", "que comprende", "incluye", "que incluye", "que tiene" y sus conjugados significan "que incluyen pero no se limitan a".

La expresión "que consiste en" significa "que incluye y se limita a".

La expresión "consiste esencialmente en" significa que la composición, el método o la estructura pueden incluir ingredientes, etapas y/o partes adicionales, pero solo si los ingredientes, etapas y/o partes adicionales no alteran materialmente las características básicas y novedosas de la composición, método o estructura reivindicadas.

Tal como se usa en el presente documento, las formas singulares "un", "uno/a" y "el/la" incluyen a las referencias en plural a menos que el contexto indique claramente lo contrario. Por ejemplo, la expresión "un compuesto" o "al menos un compuesto" pueden incluir una pluralidad de compuestos, que incluyen las mezclas de los mismos.

A lo largo de esta solicitud, se pueden presentar diversas realizaciones de esta descripción en un formato de intervalo. Debe entenderse que la descripción en formato de intervalo es simplemente por conveniencia y brevedad y no debe interpretarse como una limitación inflexible del alcance de la descripción. Por consiguiente, debe considerarse que la descripción de un intervalo describe específicamente todos los posibles subintervalos así como los valores numéricos individuales dentro de ese intervalo. Por ejemplo, se debe considerar que la descripción de un intervalo como del 1 al 6 tiene los sub-intervalos descritos específicamente, como de 1 a 3, de 1 a 4, de 1 a 5, de 2 a 4, de 2 a 6, de 3 a 6, etc., así como a los números individuales dentro de ese intervalo, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 y 6. Esto se aplica independientemente de la amplitud del intervalo.

Siempre que se indique en este documento un intervalo numérico, se pretende que incluya a cualquier número citado (fraccional o integral) dentro del intervalo indicado. Las frases "que varían/se extienden entre" un primer número de indicación y un segundo número de indicación y "que varían/se extienden de" un primer número de indicación "a" un segundo número de indicación se usan indistintamente y pretenden incluir el primer y segundo números indicados y todos los números fraccionarios e integrales entre ellos.

Como se usa en el presente documento, el término "método" se refiere a maneras, medios, técnicas y procedimientos para llevar a cabo una tarea determinada que incluyen, pero no se limitan a, las maneras, los medios, técnicas y procedimientos conocidos, o fácilmente desarrollados a partir de maneras conocidas, medios, técnicas y procedimientos por parte de profesionales de las artes química, farmacológica, biológica, bioquímica y médica.

Se aprecia que ciertas características de la invención, que, por claridad, se describen en el contexto de realizaciones separadas, también pueden proporcionarse en combinación en una única realización. Por el contrario, varias características de la descripción, que, por brevedad, se describen en el contexto de una sola realización, también se pueden proporcionar por separado o en cualquier subcombinación adecuada o como es adecuado en cualquier otra realización descrita de la descripción. Ciertas características descritas en el contexto de diversas realizaciones no deben considerarse características esenciales de esas realizaciones, a menos que la realización sea inoperante sin esos elementos.

Varias realizaciones y aspectos de la presente descripción tal como se delinearon anteriormente y como se reivindican en la sección de reivindicaciones a continuación encuentran soporte experimental en los siguientes ejemplos.

Ejemplos

Ahora se hace referencia a los siguientes ejemplos, que junto con las descripciones anteriores ilustran algunas realizaciones de la invención de una manera no limitativa.

Generalmente, la nomenclatura usada en este documento y los procedimientos de laboratorio utilizados en la presente descripción incluyen técnicas de ADN molecular, bioquímicas, celulares y recombinantes. Tales técnicas se explican minuciosamente en la literatura. Véase, por ejemplo, "Molecular Cloning: A laboratory Manual", Sambrook et al., (1989); "Current Protocols in Molecular Biology" Volúmenes I-III Ausubel, R. M., ed. (1994); Ausubel et al., "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley and Sons, Baltimore, Maryland (1989); Perbal, "A Practical Guide to Molecular Cloning", John Wiley & Sons, Nueva York (1988); Watson et al., "Recombinant DNA", Scientific American Books, Nueva York; Birren et al. (eds); metodologías como se expone en las patentes de EE.UU. Nos. 4.666.828; 4.683.202; 4.801.531; 5.192.659 y 5.272.057; "Cell Biology: A Laboratory Handbook", Volúmenes I-III

Cellis, J.E., ed. (1994); "Nucleic Acid Hybridization" Hames, B. D., y Higgins S. J., eds. (1985); "Transcription and Translation" Hames, B. D., y Higgins S. J., eds. (1984); "Animal Cell Culture" Freshney, R. I., ed. (1986); "Immobilized Cells and Enzymes" IRL Press, (1986); "A Practical Guide to Molecular Cloning" Perbal, B., (1984) y "Methods in Enzymology" vol. 1-317, Academic Press; "PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications", Academic Press, San Diego, CA (1990). Otras referencias generales se proporcionan a lo largo de este documento. Se cree que los procedimientos en el mismo son bien conocidos en la técnica y se proporcionan por la comodidad del lector.

Ejemplo 1

Materiales y métodos

Material vegetal y condiciones de crecimiento

Los experimentos se realizaron utilizando tomate WT (*Solanum lycopersicum* cv. MP-1), líneas de tomate homocigóticas transgénicas independientes isogénicas que expresan diferentes niveles de AtHXK1 de Arabidopsis (35S::AtHXK1) [como se describió previamente por Dai et al. (1999)], líneas homocigóticas transgénicas isogénicas con supresión antisentido de los genes LeHXK1, 2 y 3 de tomate, líneas homocigóticas transgénicas isogénicas que expresan GFP o AtHXK1 bajo el control del promotor KST1, y el mutante Sitiens deficiente en ABA (Dai et al., 1999) (*S. lycopersicum* cv. Ailsa Craig).

Se generaron líneas de tomate HXK antisentido independientes, α HK1 y α HK2, después de la transformación de MP-1 con una construcción antisentido de StHXK1 (X94302) expresada bajo el promotor 35S. La patata StHXK1 comparte más del 80% de identidad de secuencia con LeHXK1, 2 y 3 y confirió la supresión de LeHXK1, 2 y 3 (Figura 4A). Las líneas de Arabidopsis (Col.) y tomate (MP-1) que expresan GFP o AtHXK1 específicamente en células de guarda (líneas GCGFP y GCHXK, respectivamente) se generaron después de la transformación con GFP o AtHXK1 expresadas bajo el promotor KST1 (Muller-Rober et al., 1995). Luego se identificaron líneas homocigotas transgénicas independientes para cada constructo. Las plantas de tomate se cultivaron en un invernadero de temperatura controlada en condiciones de crecimiento natural y las plantas de Arabidopsis se cultivaron en una cámara de crecimiento sin salida mantenida a 22°C, con un fotoperíodo de luz de 8 h/16 h de oscuridad.

Mediciones estomáticas

La apertura estomática y la densidad se determinan usando la técnica de impresión rápida descrita por Geisler y Sack (2002). Este enfoque permite puntuar de manera confiable cientos de estomas de cada experimento, cada uno de los cuales se muestrea al mismo tiempo. La resina dental de vinilpolisiloxano de cuerpo liviano (Heraeus-Kulzer, Hanau, Alemania) se une al lado de la hoja abaxial y luego se retira tan pronto como se seca (1 min). Las impresiones epidérmicas de resina se cubren con esmalte de uñas, que se eliminó una vez que se había secado y sirve como una imagen especular de la impresión de resina. Las impresiones de esmalte de uñas se colocan en cubreobjetos de vidrio y se fotografían bajo el microscopio de campo brillante. Las imágenes de estomas se analizan posteriormente para determinar el tamaño de apertura utilizando la herramienta de ajuste de elipse ImageJ (www.rsby.info.nih.gov/ij/) o cualquier otro software que pueda procesar y analizar imágenes. Una regla microscópica se usa para la calibración del tamaño. Se puede obtener información adicional del software, tales como el ancho de los estomas, la longitud, el área, el perímetro, etc.

Para evaluar las respuestas estomáticas, se cortan hojas y se sumergen inmediatamente en solución de savia de xilema artificial (AXS) (Wilkinson y Davies, 1997) que contiene sacarosa 100 mM (Duchefa Biochemie) con o sin N-acetil glucosamina 20 mM (NAG, Sigma-Aldrich), Glucosa 100 mM o 200 mM (Duchefa Biochemie), fructosa 100 mM o 200 mM (Sigma-Aldrich), 2-desoxiglucosa 100 mM (Sigma-Aldrich), manosa 10 mM o 100 mM (Sigma-Aldrich), sorbitol 100 mM (Sigma-Aldrich) o manitol 100 mM o 200 mM (Duchefa Biochemie). Los tratamientos con sorbitol y manitol sirven como controles osmóticos no metabólicos. Las impresiones se toman 3 h después de la inmersión y se analiza la apertura estomática. Se pueden usar diferentes especies de plantas, soluciones de AXS, soluciones de tratamiento y diferentes tiempos para nuestra decisión.

Análisis de intercambio de gases

Las mediciones de intercambio de gases se analizan utilizando un sistema portátil de intercambio de gases Li-6400 (LI-COR). Las plantas crecen en condiciones favorables o estresadas, y las mediciones se realizan en hojas completamente expandidas, 5^a-6^a desde arriba en el caso del tomate. Todas las mediciones se realizan entre las 10:00 AM y las 2:00 PM. Se está induciendo la fotosíntesis bajo luz saturante (1000-1200 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{sec}^{-1}$) con 370 $\mu\text{mol mol}^{-1} \text{CO}_2$ rodeando la hoja (Ca). La cantidad de luz azul se establece en 15% de densidad de flujo de fotones fotosintéticamente activo para optimizar la apertura estomática. El VPD hoja-aire (déficit de presión de vapor) se mantiene alrededor de 1 a 2,5 kPa y la temperatura de la hoja se mantiene a alrededor de 25°C, durante todas las mediciones. Una vez que se alcanza un estado estable, se realizan las mediciones. Es posible ajustar cada uno de los parámetros mencionados anteriormente. Cada medida contiene datos de fotosíntesis ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), transpiración ($\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), conductancia estomática ($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), y la eficiencia calculada instantánea del uso de agua ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ mmol}^{-1} \text{ H}_2\text{O}$). Los datos adicionales obtenidos de cada medición son la conductancia de mesófilo para CO_2 ($\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1} \text{ bar}^{-1}$), tasa de transporte de electrones, calculada a partir de PS (fotosistema)

rendimiento cuántico II y concentraciones internas de CO₂ (Ci).

Para las mediciones de la conductancia estomática (gs), el porómetro de estado estacionario de conductancia foliar LI-1600 (LI-COR, Lincoln, NE) se usa de acuerdo con las instrucciones de fabricación.

Mediciones de transpiración en toda la planta

- 5 Las tasas de transpiración de la planta entera y la transpiración diaria relativa (RDT) se determinan usando un sistema de escala de lisímetro de pantalla ancha, que permite mediciones de hasta 160 plantas simultáneamente. Las plantas se plantan en macetas de 3,9 L y crecen en condiciones controladas. Cada maceta se coloca en una celda de carga con compensación de temperatura con salida digital y se sella para evitar la evaporación de la superficie del medio de crecimiento. Una mecha vertical húmeda hecha de fibras de algodón de 0,15 m² parcialmente sumergidas en un tanque de agua de 1 L se coloca en una celda de carga similar y se usa como referencia para las variaciones temporales en la tasa de transpiración potencial. La salida de las celdas de carga se supervisa cada 10 s y las lecturas promedio de más de 3 min se registran en un registrador de datos para su posterior análisis. Los datos de salida incluyen la transpiración de la planta entera, el peso de la planta, la intensidad de la luz, el déficit de presión de vapor (VPD), la temperatura, la conductancia estomática, la eficiencia del uso del agua y parámetros ambientales y fisiológicos adicionales. La tasa de transpiración de toda la planta se calcula mediante una derivada numérica de la salida de la celda de carga después de un proceso de suavización de datos (Sade et al., 2010). La tasa de transpiración diaria de la planta se normaliza para el peso total de la planta y los datos para la mecha sumergida vecina y estas cifras se promedian para una línea determinada sobre todas las plantas (cantidad absorbida por la mecha diaria = 100%). La eficiencia en el uso del agua se calcula a partir del peso diario agregado frente a la pérdida diaria de agua para cada planta. La RDT de plantas se monitorea bajo diferentes condiciones de crecimiento respecto a la decisión propia: irrigación normal, sequía, tratamiento con sal y más. Es posible cambiar las condiciones de crecimiento a diario y controlar las respuestas de las plantas.
- 10
- 15
- 20

Extracción de ARN, generación de ADNc y análisis de expresión de PCR cuantitativa en tiempo real (Basado en Goren 2011, Kandel-Kfir 2006)

- 25 Las muestras de tejido se congelan rápidamente y se homogenizan en nitrógeno líquido. El ARN se extrae utilizando el kit EZ-RNA (Biological Industries, Kibbutz Bet Haemek, Israel), con hasta 500 µl de tejido homogeneizado congelado por tubo de extracción. Se realizan al menos cuatro extracciones independientes para cada conjunto de tejidos. Las extracciones se obtienen de acuerdo con el protocolo del fabricante, incluidos dos lavados opcionales en LiCl 2 M. Los sedimentos de ARN se suspenden en 25 µl de H₂O tratado con DEPC y se tratan con ADNasa (Ambion, Austin, TX, EE.UU.) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La presencia de ARN se confirma por electroforesis en gel y la degradación del ADN se confirma mediante PCR. El ARN (<1 µg) de cada muestra se transcribe de forma inversa a ADNc usando MMLV RT (ProMega, Madison, WI, EE.UU.) en una reacción de 25 µl, con 2 µl de cebadores aleatorios y 1 µl de cebadores mixtos de poli-dT (18- 23 nt). Todas las muestras de cDNA se diluyen 1:8 en agua tratada con DEPC.
- 30
- 35 Las reacciones en tiempo real se preparan usando la mezcla SYBR Green (Eurogentec S.A., Seraing, Bélgica) en volúmenes de 10 µl con 4 µl de ADNc diluido por reacción, dos réplicas por muestra de ADNc. Las reacciones se realizan en un ciclador RotorGene 6000 (Corbett, Mortlake, Nueva Gales del Sur, Australia), 40 ciclos por ciclo, con muestreo después de cada ciclo. Después de un paso de precalentamiento inicial a 95°C durante 15 min, hay 40 ciclos de amplificación que consisten en 10 s a 95°C, 15 s a 55°C, 10 s a 60°C y 20 s a 72°C. Los resultados se interpretan con el software RotorGene, dos duplicados por muestra. Los datos se normalizan utilizando SICyP como gen de referencia (ciclofilina - n.º de entrada M55019). Los cebadores usados para la amplificación: SICyP - CGTCGTGTTTGGACAAGTTG (SEQ ID NO: 1) y CCGCAGTCAGCAATAACCA (SEQ ID NO: 2). Los cebadores para SIHXKs (LeHXKs) son los siguientes: para SIHXK1-GACTTGCTGGGAGAGGAGT (SEQ ID NO: 3) y AAGGTACATTGAATGAGAGGCA (SEQ ID NO: 4); para SIHXK2-GTCTCCCATCTTCCCTT (SEQ ID NO: 5) y CCGAAGTACATACCAGAACAT (SEQ ID NO: 6); para SIHXK3-GCGATATTATCACCTCTCGTG (SEQ ID NO: 7) y CTGCTTCTCTCCGTCTTTAAA (SEQ ID NO: 8); y para SIHXK4-GCTGAGGACACCTGATATATG (SEQ ID NO: 9) y GATCGGATTTACCCAGCTA (SEQ ID NO: 10).
- 40
- 45

Extracción de proteínas y análisis de la actividad de la hexoquinasa

- 50 La extracción de proteínas de las hojas de la planta se realiza con 1 a 2 g de tejido vegetal homogeneizado en 4 volúmenes de tampón de extracción (Hepes 50 mM, pH 7,6, EDTA 1 mM, KCl 15 mM, MgCl₂ 1 mM, fluoruro de fenilmetilsulfonilo 1 mM, ácido dietilditiocarbámico 3 mM y 0,2% de PVP). La mezcla se centrifuga durante 25 minutos a 16.000 g a 48°C, y el sobrenadante se lleva al 80% de saturación de sulfato de amonio. Después de la centrifugación, el sedimento se resuspende en 0,5 ml de tampón de lavado (Hepes 50 mM, pH 7,5, EDTA 1 mM y DTT 1 mM), se desala en una columna de Sephadex G-25 (55 x 11 mm) y se utiliza como un extracto de enzima crudo para el posterior análisis enzimático.
- 55

La actividad de la hexoxinasa se mide mediante un ensayo enzimático según Schaffer y Petreikov (1997). Los ensayos contienen un volumen total de 1 ml de Hepes-NaOH 30 mM, pH 7,5, MgCl₂ 2 mM, EDTA 0,6 mM, KCl 9 mM, NAD 1 mM, ATP 1 mM y 1 unidad de glucosa-6 fosfato deshidrogenasa dependiente de NAD (G6PDH de

Leuconostoc mesenteroides; Sigma). Para ensayar la fosforilación de glucosa, la reacción se inicia con glucosa 2 mM. Las reacciones se llevan a cabo a 37°C, y la absorción a 340 nm se controla continuamente. (Para información adicional véase Dai et al. 1999, Schaffer y Petreikov, 1997).

Monitoreo de la producción de óxido nítrico en células de guarda

- 5 La detección de los niveles de óxido nítrico (NO) en los estomas se realiza de la siguiente manera: Se preparan las cáscaras epidérmicas y se incuban en tampón MES [MES-KOH 25 mM, pH = 6,15 y KCl 10 mM (MES, ácido 2-(N-morfolino)-etano sulfónico; Sigma-Aldrich] con o sin NAG 20 mM, durante 2,5 h bajo luz constante, y luego se carga con colorante indicador de NO 60 µM, DAF-2DA (diacetato de 4,5-diaminofluoresceína; Sigma-Aldrich), diluido en tampón MES con o sin N-acetil glucosamina 20 mM (NAG, Sigma-Aldrich) y se deja durante 50 min adicionales.
- 10 Luego, las cáscaras se lavan con MES 3 veces y se vuelven a incubar durante 30 minutos en el tampón (control, ajustado como 100% de fluorescencia) o en 100 mM de sorbitol, 100 mM de sacarosa y 20 mM de NAG. Las cáscaras se fotografían luego bajo un microscopio (véase Materiales y Métodos, "Imágenes de microscopía confocal"). Se incluyen de tres a cuatro repeticiones biológicas que contienen 20-30 estomas cada una en cada experimento y cada experimento se repite varias veces. Las imágenes se analizan utilizando la herramienta de histograma del software ImageJ para evaluar la intensidad de fluorescencia y la herramienta de ajuste de elipse para determinar la apertura estomática. Es posible utilizar tiras epidérmicas de diferentes especies, usar diferentes soluciones de tratamientos y diferentes tiempos, todo según se decida.
- 15

Imágenes de microscopía confocal

- 20 Las imágenes se adquieren utilizando el microscopio confocal de escaneo láser invertido OLYMPUS IX 81 (Japón) (FLUOVIEW 500) equipado con un láser de ion argón de 488 nm y un objetivo de inmersión en agua PlanApo 60X1.0 NA. La fluorescencia del óxido nítrico DAF-2DA (diacetato de 4,5 diaminofluoresceína, Sigma-Aldrich) es excitada por una luz de 488 nm y la emisión se recoge utilizando un filtro BA 505-525. GFP se excita con luz de 488 nm y la emisión se recoge utilizando un filtro BA 505-525. Se usa un filtro de emisión BA 660 IF para observar la autofluorescencia de la clorofila. Las secciones ópticas confocales se obtienen a incrementos de 0,5 µm. Las imágenes tienen un código de color verde para GFP y magenta para la autofluorescencia de clorofila.
- 25

Imagen térmica

- 30 La temperatura de la hoja es una herramienta confiable para determinar la variación de la transpiración entre diferentes condiciones y diferentes especies de plantas. Las altas temperaturas están asociadas con estomas cerrados y baja transpiración, mientras que las bajas temperaturas indican estomas abiertos y alta transpiración. Para imágenes térmicas, las imágenes se toman con una cámara térmica (ThermaCAM modelo SC655, FLIR Systems). Las imágenes se analizan posteriormente utilizando el software ThermaCAM researcher pro 2.10. Los experimentos se repiten varias veces. Los datos son medias $\pm$ SE de cinco repeticiones biológicas por línea; cuatro hojas son analizadas por planta.

Uso de KST1 como un promotor específico de células de guarda

- 35 Se ha demostrado que el canal de potasio KST1 en la patata (*Solanum tuberosum* L.) se expresa específicamente en las células de guarda (Muller-Rober et al., 1995). Más tarde, mediante la actividad de GUS y el ensayo de tinción, se ha demostrado que el segmento del promotor KST1 puede usarse para expresar genes exclusivamente en células de guarda (Plesch et al., 2001). Usando este conocimiento, se generaron plantas transgénicas de tomate y *Arabidopsis* que sobreexpresan *Arabidopsis* hexokinasa (KST::AtHXK1) o GFP (proteína de fluorescencia verde) (como un control para la expresión exclusiva) específicamente en células de guarda en los siguientes procedimientos:
- 40

1. Creación de un vector binario que contiene una inserción de cDNA AtHXK1 en el promotor KST1 seguido de un terminador.

- 45 2. Creación de un vector binario que contiene un inserto del gen GFP en el promotor KST1 seguido de un terminador.

3. Transformación de plantas

4. Identificación de plantas que contienen el rasgo KST1::AtHXK1.

Creación de un vector binario que contiene una inserción de cDNA AtHXK1 o GFP bajo el promotor KST1 seguido de un terminador.

- 50 Se usó el vector binario pGreen0029 (Hellens et al., 2000b) para la transformación en plantas de tomate y *Arabidopsis*. El promotor KST1 se ligó aguas arriba de la secuencia codificante de AtHXK1 (aislada por (Dai et al., 1995) o GFP seguido por un terminador (véanse las Figuras 17A-B).

Ejemplo 2

La sacarosa estimula el cierre estomatal

Para examinar el efecto de Suc sobre los estomas, se sumergieron hojas intactas de tomate de tipo silvestre (WT) en soluciones apoplásticas artificiales (Wilkinson y Davies, 1997) que contenían Suc 100 mM o sorbitol 100 mM, un azúcar no metabólico utilizado como control osmótico y se midió la abertura estomática. Suc redujo el tamaño de la apertura estomática en un 29% en relación con el sorbitol (Figuras 1A, B). La sacarosa es un disacárido que debe escindirse. Puede escindirse por invertasas de la pared celular (apoplásticas), produciendo glucosa (Glc) y fructosa (Fru) en proporciones iguales (Granot, 2007) y dando como resultado osmolaridades extracelulares adicionales que se aproximan a 200 mOsm/L, en comparación con los 100 mOsm/L de la Suc original añadida. Los inventores, por lo tanto, comparamos los efectos de 100 mM de sacarosa, 100 mM de Glc + 100 mM de Fru y 200 mM de Glc o Fru con el efecto de 200 mM de manitol, que se usó como un control osmótico adicional. Todas las combinaciones de azúcar disminuyeron el tamaño de las aberturas estomáticas, en comparación con el efecto de 200 mM de manitol (Figura 1C), lo que apoya un papel osmótico independiente para los azúcares en la regulación del cierre de los estomas.

Ejemplo 3

La sacarosa estimula el cierre estomatal a través de hexoquinasa

La sacarosa puede escindirse mediante invertasa apoplástica (extracelular) o entrar en las células a través de transportadores de sacarosa y luego escindirse mediante enzimas de escisión de sacarosa intracelulares para producir las hexosas Glc y Fru. Las hexosas Glc y Fru deben ser fosforiladas por las enzimas que fosforilan la hexosa (Granot, 2007). En las plantas, las hexoquinasas (HXK) son las únicas enzimas que pueden fosforilar Glc y también pueden fosforilar Fru (Granot, 2007, 2008). Las HXK son enzimas intracelulares que se sabe desempeñan papeles tanto cinéticos como de señalización de azúcar (Rolland et al., 2006). Para examinar si la Suc estimula el cierre estomático a través de HXK, el efecto de Suc se probó en presencia de N-acetil glucosamina (NAG), un inhibidor eficiente de la actividad HXK (Hofmann y Roitsch, 2000). NAG abolió casi por completo el efecto de Suc y evitó el cierre estomático, apoyando un papel para HXK en la regulación del cierre de los estomas (Figura 1B).

Ejemplo 4

El aumento de la expresión de HXK mejora el cierre estomatal

Para explorar más a fondo si HXK media el cierre de estomas, el efecto de Suc se examinó en plantas de tomate transgénicas bien caracterizadas que expresaban Arabidopsis HXK1 (AtHXK1) bajo el control del promotor 35S no específico global (Dai et al., 1999). La apertura estomática de las plantas que expresan AtHXK1 (la línea HK4, que tiene un nivel de actividad HXK que es 5 veces mayor que el de las plantas WT) se redujo en un 21% en comparación con las plantas control incluso bajo las condiciones de control (sorbitol 100 mM) (Figura 1B), lo que indica que el aumento de la expresión de HXK induce el cierre de los estomas. La adición de Suc causó que los estomas se cerraran aún más (Figura 1B) y el inhibidor de HXK NAG abolió el efecto de cierre de Suc, apoyando aún más un papel para HXK en la regulación del cierre de los estomas (Figura 1B).

Ejemplo 5

Correlación directa entre la actividad de HXK, el cierre estomático y la reducción de la transpiración

Para examinar el efecto de HXK en los estomas de tomate, se midieron las aberturas estomáticas y la conductancia de las líneas de tomate que expresaban niveles crecientes de AtHXK1. (Las líneas HK37, HK4 y HK38 tienen niveles de actividad HXK que son 2, 5 y 6 veces más altos que los de las plantas WT, respectivamente) (Dai et al., 1999). Las densidades estomáticas de las líneas que expresan AtHXK1 son similares a las de las plantas WT (Tabla S1), pero tanto la apertura estomática como la conductancia se redujeron significativamente, en correlación directa con el nivel de expresión de AtHXK1 (Figuras 2A, 2B). Además, la medición continua de la transpiración en el transcurso del día reveló que AtHXK1 disminuyó la tasa de transpiración por unidad de área foliar en las líneas que expresaban AtHXK1, en correlación con el nivel de expresión de AtHXK1 (Figura 2C), de modo que la transpiración diaria relativa acumulado de toda la planta por unidad de área foliar (RDT) se correlacionó claramente negativamente con la actividad de HXK (Figura 2D).

Para descartar la posibilidad de que la disminución observada en la transpiración fuera el resultado de los efectos inhibidores de AtHXK1 sobre la captación de agua de raíz o el transporte de agua en el tallo, se realizaron experimentos de injerto recíproco. Se injertaron 4 brotes de HK4 en raíces WT y se injertaron brotes WT en raíces HK4 (Figura 3A). Las mediciones continuas de las tasas de transpiración y la transpiración diaria total acumulativa de la planta total por unidad de área foliar de las plantas injertadas indicaron que la disminución de la transpiración generalmente se asociaba con los brotes HK4, teniendo las raíces solo una influencia menor (Figuras 3B, 3C). Para examinar más a fondo el efecto de los tallos HK4 en la transpiración, se generaron plantas de triple injerto en las que HK4 intercalados reemplazaron una parte del tallo de plantas WT (Figura 3D). El intercalado HK4 no tuvo efecto sobre RDT (Figura 3E), lo que indica que la disminución de la transpiración de las plantas que expresan AtHXK1 fue

el resultado de la reducción de la transpiración de las hojas y la no reducción de la absorción de agua por las raíces o el transporte atenuado a través del tallo. El efecto de AtHXK1 en la transpiración de las hojas indica además que HXK controla el comportamiento estomático que afecta la transpiración de las plantas enteras intactas.

Ejemplo 6

5 La supresión de HXK inhibe el cierre estomático

El papel de HXK en el cierre de estomas se examinó adicionalmente usando plantas de tomate y Arabidopsis con supresión antisentido y mutantes de HXK supresores, respectivamente. Se conocen cuatro HXK en plantas de tomate, tres de las cuales (LeHXK1, 2 y 3) son HXK asociadas a mitocondrias similares al sensor de azúcar AtHXK1 (Granot, 2007, 2008). A diferencia del cierre estomático observado en plantas de tomate que expresan un alto nivel de AtHXK1 (Figuras 2A, B), el cierre estomático en líneas de tomate (α HK1 y α HK2) con supresión antisentido de LeHXK1,2 y 3 (Figura 4^a) disminuyó en respuesta a los tratamientos de Suc (Figura 4B). De manera similar, el mutante *gin2-1* AtHXK1-supresor de Arabidopsis tenía una conductancia estomática más alta y una tasa de transpiración más alta, en comparación con las plantas de control de tipo silvestre (Figuras 8E, F), apoyando la hipótesis de que HXK juega un papel en la regulación del cierre estomático.

15 Ejemplo 7

HXK media el cierre estomático independiente del metabolismo aguas abajo de los azúcares fosforilados

Para examinar si se requiere el metabolismo aguas abajo de los azúcares fosforilados para el cierre estomático, se analizaron los efectos de manosa (un epímero de glucosa en el segundo átomo de carbono) y 2-dexoxiglucosa (2-dG - un análogo de glucosa). Estos dos azúcares son fosforilados por HXK, pero 2-dG no se metaboliza más y la manosa se metaboliza poco (Klein y Stitt, 1998; Pego et al., 1999). Tanto la manosa como 2-dG redujeron la apertura estomática (Figura 5). Una menor concentración de manosa (10 mM) también redujo la apertura estomática más de 100 mM de glucosa (Figura 5), en línea con las observaciones anteriores de que la manosa es más potente que la glucosa con respecto a los efectos del azúcar mediado por HXK (Jang y Sheen, 1994; Pego y otros, 1999). Además, el efecto de cierre de la manosa 10 mM apoya adicionalmente un papel osmótico-independiente de los azúcares en la estimulación del cierre estomático. Los resultados con manosa y 2-dG sugieren que HXK estimula el cierre estomático independientemente del metabolismo aguas abajo de los azúcares fosforilados.

Ejemplo 8

La sacarosa estimula una vía de señalización ABA en las células de guarda

Se ha demostrado previamente que los efectos de señalización del azúcar de HXK, tales como la inhibición de la fotosíntesis y el crecimiento, están mediados por el ácido abscísico (ABA) [para una revisión actualizada, véase Rolland et al. (2006)], una fitohormona bien conocida que también induce el cierre de estomas. Por lo tanto, se especuló que Suc podría modular la apertura de la celda de guarda a través de HXK y ABA dentro de las células de guarda. La señalización de ABA en las células de guarda está mediada por la producción rápida de óxido nítrico (NO), que se requiere para el cierre estomático inducido por ABA y sirve como un indicador de los estímulos de cierre estomático (García-Mata et al, 2003; Neill et al., 2008). Para examinar el efecto de Suc en la vía de señalización de ABA en las células de guarda, los niveles de NO se controlaron dentro de las células de guarda en respuesta a las aplicaciones de Suc. Las cáscaras epidérmicas se incubaron con Suc y se monitorizaron usando el colorante indicador de NO fluorescente de diacetato de diaminofluoresceína (DAF-2DA). Las aplicaciones de sorbitol 100 mM no tuvieron ningún efecto sobre los niveles de NO en las células de guarda (Figura 6A). Sin embargo, la aplicación de Suc 100 mM dio como resultado un aumento de 3,5 veces en la fluorescencia de las células de guarda, lo que indica un rápido aumento en los niveles de NO, que se correlacionó con el cierre de los estomas (Figura 6A). Las células de guarda de las cáscaras epidérmicas no tratadas HK4 (línea que expresa AtHXK1) exhibieron altos niveles de NO, similares a las cáscaras epidérmicas WT tratadas con Suc (Figura 6B), y la adición de Suc a la epidermis pelada de HK4 condujo a una fluorescencia aún más intensa (Figura 6B).

Para examinar más a fondo la implicación de HXK en la producción de NO en las células de guarda, el inhibidor de HXK NAG se utilizó con peladuras epidérmicas. NAG no solo inhibió el efecto de Suc y bloqueó el cierre estomático (Figura 1B), sino que también evitó la producción de NO (Figura 6C). El lavado de NAG con Suc 100 mM condujo a la reanudación de la producción de NO en menos de 30 min (Figuras 6D, E). Estos resultados sugieren que Suc provoca una respuesta de NO específica de las células de guarda a través de HXK.

Para verificar que realmente se requiere ABA para la respuesta estomática del NO frente a Suc, se realizaron los mismos experimentos con el mutante *Sitiens* de tomate con déficit de ABA, cuyos estomas siempre están abiertos (Neill y Horgan, 1985). A diferencia de lo que se observó para las plantas WT, el tratamiento de cáscaras epidérmicas de *Sitiens* con Suc 100 mM no produjo ningún aumento en la fluorescencia o el cierre de los estomas, lo que indica que no hubo producción de NO (Figura 6F). Sin embargo, el tratamiento de las cáscaras de *Sitiens* con ABA suministrado externamente desencadenó la producción de NO (Figura 6F) y el cierre de los estomas. Estos hallazgos indican que las células de guarda de *Sitiens* conservan su capacidad de responder al ABA suministrado externamente produciendo NO y que solo la ausencia de la producción de ABA en el mutante de *Sitiens* previene la

producción de NO estimulada por Suc y el cierre estomático. Esta observación confirma que los estomas de Sitiens no responden a Suc debido a la deficiencia de ABA de este mutante y que ABA es un mediador vital de la respuesta estomática frente a Suc.

Ejemplo 9

- 5 La expresión específica de las células de guarda de ATHXK1 induce el cierre estomático y reduce la transpiración de plantas de tomate y arabidopsis.

Para examinar el papel de HXK específicamente en las células de guarda, se generaron plantas de tomate y Arabidopsis que expresaban AtHXK1 bajo el promotor específico de células de guarda KST1 (Muller-Rober et al., 1995). La expresión específica del promotor KST1 en las células de guarda de tomate y Arabidopsis se verificó por 10 la expresión de GFP bajo el promotor KST1 (líneas GCGFP, Figuras 7A-E). La expresión del promotor KST1 fue específica respecto a las células de guarda en todos los órganos de la planta examinados y no se detectó en órganos que no tenían estomas, tales como las raíces (Figura 7E). Se registró la expresión específica de las células de guarda desde el desarrollo temprano de las plántulas, como se observó en los hipocótilos de las plántulas (Figura 7D), a través de las etapas en las cuales las hojas están completamente expandidas (Figuras 7A-C).

- 15 A diferencia de la expresión de AtHXK1 bajo el promotor 35S (Dai et al., 1999; Kelly et al., 2012), la expresión de AtHXK1 bajo el promotor de KST1 específico de células de guarda (líneas GCHXK) casi no tuvo efecto de crecimiento negativo (Figura 8 A, D). Sin embargo, la expresión de AtHXK1 bajo el promotor de KST1 redujo tanto la conductancia estomática como la transpiración tanto en plantas de tomate como de Arabidopsis (Figuras 8B, C, E, F). Estos resultados apoyan firmemente el papel hipotético específico de HXK en las células de guarda, regulando el 20 cierre de los estomas.

Ejemplo 10

La expresión de GFP bajo el control del promotor FBPasa es específica para las células mesofilas

- Para discriminar entre los efectos de HXK en células de guarda frente a células de mesófilo, los presentes inventores han creado plantas transgénicas de tomate y Arabidopsis que expresan HXK bajo un promotor de 25 mesófilo de FBPasa (Peleg et al., 2007). La expresión específica del promotor de FBPasa se demostró con plantas transgénicas de tomate y Arabidopsis que expresan GFP bajo el control de este promotor (designado MCGFP, Figura 9). Se identificaron varias líneas de tomate y Arabidopsis homocigóticas independientes con alta expresión de FBPasa::AtHXK1 (denominadas plantas MCHXK).

Ejemplo 11

- 30 La expresión elevada de hexokinasa en células de guarda reduce la transpiración de las plantas enteras y aumenta la eficiencia en el uso de agua, según se determina mediante el sistema de análisis de intercambio de gases

Usando el sistema de intercambio de gases LI-COR, los presentes inventores han analizado 10 líneas independientes de GCHXK y han descubierto un notable aumento en la eficiencia del uso de agua en esas plantas (Figuras 10A-D). Los datos de los inventores muestran claramente que mientras la fotosíntesis permaneció sin 35 cambios (Figura 10C), la conductancia estomática (indicación de apertura estomática, Figura 10B) y la transpiración (Figura 10A) se redujeron en un 20% y 15% respectivamente, mejorando la eficiencia del uso del agua de 1,36 en WT a 1,78 en las líneas GCHXK (Figura 10D).

Ejemplo 12

- 40 La expresión elevada de hexokinasa en las células de guarda reduce la transpiración de la planta entera y aumenta la eficiencia en el uso de agua, según se determina usando el sistema de escalas lisímeras

Para evaluar la eficiencia del uso de agua en plantas GCHXK, los presentes inventores usaron el sistema de escalas lisímeras precisas y sensibles, que mide la acumulación de peso de la planta y la pérdida total de agua de la planta durante experimentos de larga duración, y pueden controlar más de 160 plantas simultáneamente bajo tratamientos 45 de riego variados. (Figuras 11A-C). Se analizaron dos líneas transgénicas GCHXK independientes (que exhibieron WUE alta cuando se midieron por LI-COR (Figuras A-D 10)). Los presentes inventores han descubierto que la transpiración diaria relativa de estas líneas era inferior a WT durante todo el experimento (20 días) (Figuras 11 A-C). La acumulación de peso de la planta y el crecimiento no se vieron afectados. Como resultado, hubo un aumento de aproximadamente 20% -30% en WUE en las líneas GCHXK en comparación con las plantas WT.

Ejemplo 13

- 50 La expresión elevada de hexokinasa en células de guarda reduce la tasa de transpiración de las plantas enteras y la conductancia estomática, sin ningún efecto negativo en el crecimiento, mejorando así la eficiencia en el uso del agua

Utilizando el sistema de escalas lisímetro se analizó además el ahorro de agua y WUE en las plantas GCHXK, que mostraron un alto WUE cuando se medía por LI-COR (Figuras 10A-D) y por lisímetro (Figuras 11 A-C). Varios

parámetros fueron monitoreados. Parámetros para la pérdida de agua: tasa de transpiración, conductancia estomática (g_s); parámetros para el crecimiento: peso total de la planta, área foliar total de la planta y parámetros ambientales: intensidad de la luz, déficit de presión de vapor (VPD). Se encontró que a lo largo del día, las tasas de transpiración normalizadas frente al área foliar total se correlacionaban con los cambios ambientales (intensidad de luz y VPD, Figuras 12E y 12F, respectivamente). Las tasas de transpiración de las plantas GCHXK fueron significativamente menores en comparación con las de WT a lo largo del día (Figura 12A). En consecuencia, se encontró que la conductancia estomática también se reducía (Figura 12B), lo que demuestra que en las plantas GCHXK, se ahorra agua y los estomas estaban más cerrados. Además, al medir el área y peso foliar total de la planta (Figuras 12C y 12D, respectivamente), los presentes inventores descubrieron que, aunque las plantas hubieran consumido menos agua (Figura 12A), el crecimiento no se veía afectado, e incluso mejoraba como en el caso de GCHXK 12 líneas. Ahorrar agua sin afectar el crecimiento de la planta mejora la eficiencia del uso de agua en toda la planta.

Ejemplo 14

La expresión elevada de hexokinasa en las células de guarda mejora la tolerancia a la sequía

Para monitorear el comportamiento de las plantas en condiciones de estrés, se utilizó el sistema de escalas por lisímetro. Después de que el riego se detuvo por completo, las plantas se expusieron a estrés por sequía, que aumentó gradualmente cada día durante todo el experimento. Las velocidades de transpiración de las plantas WT y GCHXK se analizaron durante nueve días consecutivos (Figura 13). Durante los primeros 3 días las plantas GCHXK transpiraron menos que las WT, en línea con el comportamiento de las condiciones normales (Figuras 11A-C; 12A-F), lo que indica que el estrés fue solo moderado en ese momento. Sin embargo, en los días siguientes (4 y 5), se observó una transición entre las tasas de transpiración WT y GCHXK (Figura 13, *) y la transpiración WT se redujo bruscamente en comparación con GCHXK, lo que indica que las plantas WT son más sensibles a la sequía. Como se ve en las condiciones de estrés moderado (días 5 y 6) y en estrés severo (días 7 y 8), la transpiración de GCHXK es menos sensible a la limitación de agua en comparación con WT, mostrando una disminución más lenta en la transpiración durante todo el experimento. Estos resultados indican que las plantas GCHXK tienen una mejor tolerancia frente a la escasez de agua y que bajo condiciones de estrés leve estas plantas aún pueden funcionar normalmente. La tolerancia a la sequía también se detectó al monitorear la transpiración diaria relativa (RDT) de las plantas WT y GCHXK bajo condiciones de sequía (Figura 11 A). Al pasar de las condiciones de riego a las de sequía (Figura 11A, días 10-11, ampliada), se observó una reducción abrupta en la transpiración de las plantas WT (flecha roja). Sin embargo, la transpiración de GCHXK solo se vio afectada moderadamente cuando se expuso a la sequía (flecha verde), lo que indica que estas plantas tienen una mejor tolerancia frente a la sequía.

Ejemplo 15

La expresión elevada de hexokinasa en células de guarda mejora la producción de rendimiento

Para examinar el efecto de GCHXK en el rendimiento, se controló el número de frutos de las plantas GCHXK. Ninguna de las líneas exhibió un rendimiento reducido, aunque se encontró que la transpiración de estas líneas era menor (Figuras 10-12). Por el contrario, en pocas líneas el número de frutos fue incluso mayor que el control (Figuras 14A-B).

Ejemplo 16

La expresión elevada de hexokinasa en células de guarda mejora la producción de rendimiento bajo condiciones limitadas de abastecimiento de agua

Para un ensayo de producción de rendimiento de amplio rango, las plantas se cultivaron en un invernadero semicomercial controlado bajo cuatro regímenes distintos de riego con estrés hídrico. Las plantas se riegan ya sea un 25% por encima de la cantidad recomendada de riego (125%), el riego recomendado (100%) y el riego deficitario (regímenes de riego del 75%, 50%, Figura 15A). Se recolectaron los frutos y se documentaron los números de frutos acumulados y el peso total de cada planta (Figuras 15B-C). Como se ve claramente, GCHXK en rendimiento fue dramático. Comparado con las plantas WT, GCHXK tuvo un rendimiento significativamente mayor (número de frutos y peso total de los frutos bajo todos los regímenes de riego. Sin embargo, el riego deficitario no alteró el número de frutos por planta, pero redujo el peso de los frutos. Curiosamente, el peso de los frutos GCHXK bajo condiciones de estrés total (50% de riego) fue mayor que las plantas de control al 100% de riego. Las plantas GCHXK también tienen una mejor tolerancia frente a la limitación del agua. Al reducir el riego de 100% a 75%, el peso del fruto de GCHXK se redujo en solo un 16%, mientras que el de las plantas de control de WT se redujo en un 39%. Por lo tanto, además de más rendimiento en condiciones de riego normales (100%) (Figuras 14A-B y Figura 15B), las plantas GCHXK también tienen una mejor tolerancia (mayor rendimiento) a un suministro de agua limitado. Junto con los resultados de la transpiración (Figura 13), estos resultados indican que la expresión específica de HXK en células de guarda ahorra agua, aumenta la eficiencia del uso del agua y mejora la producción de rendimiento, no solo en condiciones normales, sino también en condiciones de sequía.

Ejemplo 17

La expresión elevada de la hexokinasa en las células de guarda reduce la transpiración de las plantas enteras, induce el cierre de estomático y aumenta la eficiencia en el uso del agua en *Arabidopsis*

Se usaron imágenes térmicas y análisis de intercambio de gases para determinar la apertura estomática, la transpiración y WUE en plantas de *Arabidopsis* que expresaban HXK específicamente en células de guarda (GCHXK, Figuras 16A-F). Los presentes inventores han descubierto que en las plantas GCHXK, la conductancia estomática y la transpiración (Fig. 16A y B respectivamente, Fig. 8E-F) se reducen significativamente en comparación con WT. Además, al usar la técnica de imagen térmica, se encontró que la temperatura de la hoja de las plantas GCHXK era más alta que WT, lo que indica que los estomas estaban más cerrados (Figura 16F). Además, aunque se redujo la transpiración, las tasas de fotosíntesis (Figuras 16C), así como la conductancia del mesófilo frente a CO₂ (gm, Figura 16D) no se vieron afectadas. Por otra parte, el crecimiento no se vio afectado tampoco (Figura 8D). En general, las plantas GCHXK tuvieron una mayor eficiencia en el uso del agua (Figura 16E). Estos resultados demuestran que la misma inserción transgénica de hexoquinasa bajo el promotor específico de células de guarda utilizado en el caso del tomate (familia de las solanáceas) es universalmente aplicable al tiempo que afecta a los estomas y aumenta la eficiencia del uso del agua en el caso de *Arabidopsis* (familia Brassicaceae) también y que esta técnica también podría implementarse en otras especies.

Bibliografía citada

Amodeo G, Talbott LD, Zeiger E (1996) Use of potassium and sucrose by onion guard cells during a daily cycle of osmoregulation. *Plant Cell Physiol* 37: 575-579

Arenas-Huertero F, Arroyo A, Zhou L, Sheen J, Leon P (2000) Analysis of *Arabidopsis* glucose insensitive mutants, *gin5* and *gin6*, reveals a central role of the plant hormone ABA in the regulation of plant vegetative development by sugar. *Genes Dev* 14: 2085-2096

Assmann SM (1993) Signal transduction in guard cells. *Annu Rev Cell Biol* 9: 345-375 Baroli I, Price GD, Badger MR, von Caemmerer S (2008) The contribution of photosynthesis to the red light response of stomatal conductance. *Plant Physiol* 146: 737-747

Cheng W, Zhang H, Zhou X, Liu H, Liu Y, Li J, Han S, Wang Y (2011) Subcellular localization of rice hexokinase in the mesophyll protoplasts of tobacco. *Biologia Plantarum* 55: 173-177

Cho JI, Ryoo N, Eom JS, Lee DW, Kim HB, Jeong SW, Lee YH, Kwon YK, Cho MH, Bhoo SH, Hahn TR, Park YI, Hwang I, Sheen J, Jeon JS (2009) Role of the rice hexokinases *OshXK5* and *OshXK6* as glucose sensors. *Plant physiology* 149: 745-759

Cho JI, Ryoo N, Ko S, Lee SK, Lee J, Jung KH, Lee YH, Bhoo SH, Winderickx J, An G, Hahn TR, Jeon JS (2006) Structure, expression, and functional analysis of the hexokinase gene family in rice (*Oryza sativa* L.). *Planta* 224: 598-611

Christmann A, Hoffmann T, Teplova I, Grill E, Muller A (2005) Generation of active pools of abscisic acid revealed by in vivo imaging of water-stressed *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 137: 209-219

Claeysen E, Rivoal J (2007) Isozymes of plant hexokinase: occurrence, properties and functions. *Phytochemistry* 68: 709-731

Claeysen E, Wally O, Matton DP, Morse D, Rivoal J (2006) Cloning, expression, purification, and properties of a putative plasma membrane hexokinase from *Solanum chacoense*. *Protein Expr Purif* 47: 329-339

Cominelli E, Galbiati M, Albertini A, Fornara F, Conti L, Coupland G, Tonelli C (2011) DOF-binding sites additively contribute to guard cell-specificity of *AtMYB60* promoter. *BMC plant biology* 11: 162

Cominelli E, Galbiati M, Vavasseur A, Conti L, Sala T, Vuylsteke M, Leonhardt N, Dellaporta SL, Tonelli C (2005) A guard-cell-specific MYB transcription factor regulates stomatal movements and plant drought tolerance. *Current biology* : CB 15: 1196-1200

Cominelli E, Galbiati M, Tonelli C (2010) Transcription factors controlling stomatal movements and drought tolerance. *Transcription* 1: 41-45

Comstock JP (2002) Hydraulic and chemical signalling in the control of stomatal conductance and transpiration. *J Exp Bot* 53: 195-200

Dai N, Schaffer A, Petreikov M, Shahak Y, Giller Y, Ratner K, Levine A, Granot D (1999) Overexpression of *Arabidopsis* hexokinase in tomato plants inhibits growth, reduces photosynthesis, and induces rapid senescence. *Plant Cell* 11: 1253-1266

- Damari-Weissler H, Kandel-Kfir M, Gidoni D, Mett A, Belausov E, Granot D (2006) Evidence for intracellular spatial separation of hexokinases and fructokinases in tomato plants. *Planta* 224: 1495-1502
- Ewert M, Outlaw W, Zhang S, Aghoram K, Riddle K (2000) Accumulation of an apoplastic solute in the guard-cell wall is sufficient to exert a significant effect on transpiration in *Vicia faba* leaflets. *Plant Cell Environ* 23: 195-203
- 5 Francia P, Simoni L, Cominelli E, Tonelli C, Galbiati M (2008) Gene trap-based identification of a guard cell promoter in *Arabidopsis*. *Plant signaling & behavior* 3: 684-686
- Galbiati M, Matus JT, Francia P, Rusconi F, Canon P, Medina C, Conti L, Cominelli E, Tonelli C, Arce-Johnson P (2011) The grapevine guard cell-related VvMYB60 transcription factor is involved in the regulation of stomatal activity and is differentially expressed in response to ABA and osmotic stress. *BMC plant biology* 11: 142
- 10 Galbiati M, Simoni L, Pavesi G, Cominelli E, Francia P, Vavasseur A, Nelson T, Bevan M, Tonelli C (2008) Gene trap lines identify *Arabidopsis* genes expressed in stomatal guard cells. *The Plant journal: for cell and molecular biology* 53: 750-762
- Garcia-Mata C, Gay R, Sokolovski S, Hills A, Lamattina L, Blatt MR (2003) Nitric oxide regulates K⁺ and Cl⁻ channels in guard cells through a subset of abscisic acid-evoked signaling pathways. *Proc Natl Acad Sci USA* 100: 11116-11121
- 15 Giese JO, Herbers K, Hoffmann M, Klosgen RB, Sonnewald U (2005) Isolation and functional characterization of a novel plastidic hexokinase from *Nicotiana tabacum*. *FEBS Lett* 579: 827-831
- Geisler MJ, Sack FD (2002) Variable timing of developmental progression in the stomatal pathway in *Arabidopsis* cotyledons. *New Phytol* 153: 469-476
- 20 Gotow K, Taylor S, Zeiger E (1988) Photosynthetic carbon fixation in guard cell protoplasts of *Vicia faba* L.: evidence from radiolabel experiments. *Plant Physiol* 86: 700-705
- Granot D (2007) Role of tomato hexose kinases. *Funct Plant Biol* 34: 564-570
- Granot D (2008) Putting plant hexokinases in their proper place. *Phytochemistry* 69: 2649-2654
- Gray JE, Holroyd GH, van der Lee FM, Bahrami AR, Sijmons PC, Woodward FI, Schuch W, Hetherington AM (2000) The HIC signalling pathway links CO₂ perception to stomatal development. *Nature* 408: 713-716
- 25 Hofmann M, Roitsch T (2000) The hexokinase inhibitor glucosamine exerts a concentration dependent dual effect on protein kinase activity in vitro. *J Plant Physiol* 157: 13-16
- Husebye H, Chadchawan S, Winge P, Thangstad OP, Bones AM (2002) Guard cell- and phloem idioblast-specific expression of thioglucoside glucohydrolase 1 (myrosinase) in *Arabidopsis*. *Plant physiology* 128: 1180-1188
- 30 Jang JC, Sheen J (1994) Sugar sensing in higher plants. *Plant Cell* 6: 1665-1679
- Jang JC, Leon P, Zhou L, Sheen J (1997) Hexokinase as a sugar sensor in higher plants. *The Plant cell* 9: 5-19
- Kandel-Kfir M, Damari-Weissler H, German MA, Gidoni D, Mett A, Belausov E, Petreikov M, Adir N, Granot D (2006) Two newly identified membrane-associated and plastidic tomato HXKs: characteristics, predicted structure and intracellular localization. *Planta* 224: 1341-1352
- 35 Kang Y, Outlaw WH, Jr., Andersen PC, Fiore GB (2007) Guard-cell apoplastic sucrose concentration - a link between leaf photosynthesis and stomatal aperture size in the apoplastic phloem loader *Vicia faba* L. *Plant Cell Environ* 30: 551-558
- Karve A, Rauh BL, Xia X, Kandasamy M, Meagher RB, Sheen J, Moore BD (2008) Expression and evolutionary features of the hexokinase gene family in *Arabidopsis*. *Planta* 228: 411-425
- 40 Karve R, Lauria M, Virnig A, Xia X, Rauh BL, Moore BD (2010) Evolutionary lineages and functional diversification of plant hexokinases. *Mol Plant* 3: 334-346
- Kelly G, David-Schwartz R, Sade N, Moshelion M, Levi A, Alchanatis V, Granot D (2012) The pitfalls of transgenic selection and new roles of AtHXK1: a high level of AtHXK1 expression uncouples hexokinase 1-dependent sugar signaling from exogenous sugar. *Plant Physiol* 159: 47-51
- 45 Kim M, Lim JH, Ahn CS, Park K, Kim GT, Kim WT, Pai HS (2006) Mitochondria-associated hexokinases play a role in the control of programmed cell death in *Nicotiana benthamiana*. *Plant Cell* 18: 2341-2355
- Klein D, Stitt M (1998) Effects of 2-deoxyglucose on the expression of *rbcS* and the metabolism of *Chenopodium rubrum* cell suspension cultures. *Planta* 205: 223-234

- Koiwai H, Nakaminami K, Seo M, Mitsuhashi W, Toyomasu T, Koshiba T (2004) Tissue-specific localization of an abscisic acid biosynthetic enzyme, AAO3, in Arabidopsis. *Plant Physiol* 134: 1697-1707
- Kroupitski Y, Golberg D, Belausov E, Pinto R, Swartzberg D, Granot D, Sela S (2009) Internalization of Salmonella enterica in leaves is induced by light and involves chemotaxis and penetration through open stomata. *Appl Environ Microbiol* 75: 6076-6086
- Lawson T (2009) Guard cell photosynthesis and stomatal function. *New Phytol* 181: 13-34
- Lawson T, Lefebvre S, Baker NR, Morison JI, Raines CA (2008) Reductions in mesophyll and guard cell photosynthesis impact on the control of stomatal responses to light and CO₂. *J Exp Bot* 59: 3609-3619
- Leon P, Sheen J (2003) Sugar and hormone connections. *Trends Plant Sci* 8: 110-116.
- Liang YK, Dubos C, Dodd IC, Holroyd GH, Hetherington AM, Campbell MM (2005) AtMYB61, an R2R3-MYB transcription factor controlling stomatal aperture in Arabidopsis thaliana. *Curr Biol* 15: 1201-1206
- Lloyd FE (1908) The physiology of stomata. *Carnegie Inst Washington Yearbook* 82: 1-142
- Lu P, Outlaw WH, Smith BG, Freed GA (1997) A new mechanism for the regulation of stomatal aperture size in intact leaves - Accumulation of mesophyll-derived sucrose in the guard-cell wall of Vicia faba. *Plant Physiol* 114: 109-118
- Lu P, Zhang SQ, Outlaw WH, Jr., Riddle KA (1995) Sucrose: a solute that accumulates in the guard-cell apoplast and guard-cell symplast of open stomata. *FEBS Lett* 362: 180-184
- Melhorn V, Matsumi K, Koiwai H, Ikegami K, Okamoto M, Nambara E, Bittner F, Koshiba T (2008) Transient expression of AtNCED3 and AAO3 genes in guard cells causes stomatal closure in Vicia faba. *J Plant Res* 121: 125-131
- Muller-Rober B, La Cognata U, Sonnewald U, Willmitzer L (1994) A truncated version of an ADP-glucose pyrophosphorylase promoter from potato specifies guard cell-selective expression in transgenic plants. *The Plant cell* 6: 601-612
- Muller-Rober B, Ellenberg J, Provart N, Willmitzer L, Busch H, Becker D, Dietrich P, Hoth S, Hedrich R (1995) Cloning and electrophysiological analysis of KST1, an inward rectifying K⁺ channel expressed in potato guard cells. *Embo J* 14: 2409-2416
- Menu T, Rothan C, Dai N, Petreikov M, Etienne C, Destrac-Irvine A, Schaffer A, Granot D, Ricard B (2001) Cloning and characterization of a cADN encoding hexokinase from tomato. *Plant Sci* 160: 209-218
- Nakamura RL, McKendree WL, Jr., Hirsch RE, Sedbrook JC, Gaber RF, Sussman MR (1995) Expression of an Arabidopsis potassium channel gene in guard cells. *Plant physiology* 109: 371-374
- Neill S, Barros R, Bright J, Desikan R, Hancock J, Harrison J, Morris P, Ribeiro D, Wilson I (2008) Nitric oxide, stomatal closure, and abiotic stress. *J Exp Bot* 59: 165-176
- Neill SJ, Horgan R (1985) Absciscic acid production and water relations in wilted tomato mutants subjected to water deficiency. *J Exp Bot* 36: 1222-1231
- Nikinmaa E, Holtta T, Hari P, Kolari P, Makela A, Sevanto S, Vesala T (2012) Assimilate transport in phloem sets conditions for leaf gas exchange. *Plant, Cell & Environment* doi: 10.1111/pce.12004
- Nilsson A, Olsson T, Ulfstedt M, Thelander M, Ronne H (2011) Two novel types of hexokinases in the moss Physcomitrella patens. *BMC Plant Biol* 11: 32
- Nylander M, Svensson J, Palva ET, Welin BV (2001) Stress-induced accumulation and tissue-specific localization of dehydrins in Arabidopsis thaliana. *Plant molecular biology* 45: 263-279
- Olsson T, Thelander M, Ronne H (2003) A novel type of chloroplast stromal hexokinase is the major glucose-phosphorylating enzyme in the moss Physcomitrella patens. *J Biol Chem* 278: 44439-44447
- Outlaw WH (2003) Integration of cellular and physiological functions of guard cells. *Crit Rev Plant Sci* 22: 503-529
- Outlaw WH, Jr., De Vlieghere-He X (2001) Transpiration rate. An important factor controlling the sucrose content of the guard cell apoplast of broad bean. *Plant Physiol* 126: 1716-1724
- Pandey S, Zhang W, Assmann SM (2007) Roles of ion channels and transporters in guard cell signal transduction. *FEBS Lett* 581: 2325-2336
- Pego JV, Weisbeek PJ, Smeekens SC (1999) Mannose inhibits Arabidopsis germination via a hexokinase-mediated

step. *Plant Physiol* 119: 1017-1023

Padmanaban S, Chanroj S, Kwak JM, Li X, Ward JM, Sze H (2007) Participation of endomembrane cation/H⁺ exchanger AtCHX20 in osmoregulation of guard cells. *Plant Physiol* 144: 82-93

- 5 Poffenroth M, Green DB, Tallman G (1992) Sugar concentrations in guard cells of *Vicia faba* illuminated with red or blue light: analysis by high performance liquid chromatography. *Plant Physiol* 98: 1460-1471

Rennie EA, Turgeon R (2009) A comprehensive picture of phloem loading strategies. *Proc Natl Acad Sci USA* 106: 14162-14167

Ritte G, Rosenfeld J, Rohrig K, Raschke K (1999) Rates of sugar uptake by guard cell protoplasts of *Pisum sativum* L. related to the solute requirement for stomatal opening. *Plant Physiol* 121: 647-656

- 10 Roelfsema MR, Hedrich R (2005) In the light of stomatal opening: new insights into 'the Watergate'. *New Phytol* 167: 665-691

Rolland F, Baena-Gonzalez E, Sheen J (2006) Sugar sensing and signaling in plants: conserved and novel mechanisms. *Annu Rev Plant Biol* 57: 675-709

- 15 Sade N, Gebretsadik M, Seligmann R, Schwartz A, Wallach R, Moshelion M (2010) The role of tobacco Aquaporin1 in improving water use efficiency, hydraulic conductivity, and yield production under salt stress. *Plant Physiol* 152: 245-254

Schachtman DP, Goodger JQ (2008) Chemical root to shoot signaling under drought. *Trends Plant Sci* 13: 281-287

Schroeder JI, Allen GJ, Hugouvieux V, Kwak JM, Waner D (2001) Guard cell signal transduction. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 52: 627-658

- 20 Sun JY, Chen YM, Wang QM, Chen J, Wang XC (2006) Glucose inhibits the expression of triose phosphate/phosphate translocator gene in wheat via hexokinase-dependent mechanism. *Int J Biochem Cell Biol* 38: 1102-1113

Taiz L, Zeiger E (1998) *Plant Physiology*, Ed. 2. Sinauer Associates, Sunderland, UK

- 25 Tal M, Nevo Y (1973) Abnormal stomatal behavior and root resistance and hormonal imbalance in three wilted mutants of tomato. *Biochem Genet* 8: 291-300

Talbott LD, Zeiger E (1993) Sugar and organic acid accumulation in guard cells of *Vicia faba* in response to red and blue light. *Plant Physiol* 102: 1163-1169

Talbott LD, Zeiger E (1996) Central roles for potassium and sucrose in guard-cell osmoregulation. *Plant Physiol* 111: 1051-1057

- 30 Talbott LD, Zeiger E (1998) The role of sucrose in guard cell osmoregulation. *J Exp Bot* 49: 329-337

Tallman G, Zeiger E (1988) Light quality and osmoregulation in *Vicia* guard cells: evidence for involvement of three metabolic pathways. *Plant Physiol* 88: 887-895

Terryn N, Arias MB, Engler G, Tire C, Villarroel R, Van Montagu M, Inze D (1993) rha1, a gene encoding a small GTP binding protein from *Arabidopsis*, is expressed primarily in developing guard cells. *The Plant cell* 5: 1761-1769

- 35 Troncoso-Ponce MA, Rivoal J, Dorion S, Moisan MC, Garces R, Martinez-Force E (2011) Cloning, biochemical characterization and expression of a sunflower (*Helianthus annuus* L.) hexokinase associated with seed storage compounds accumulation. *J Plant Physiol* 168: 299-308

- 40 Veramendi J, Fernie AR, Leisse A, Willmitzer L, Trethewey RN (2002) Potato hexokinase 2 complements transgenic *Arabidopsis* plants deficient in hexokinase 1 but does not play a key role in tuber carbohydrate metabolism. *Plant Mol Biol* 49: 491-501

Veramendi J, Roessner U, Renz A, Willmitzer L, Trethewey RN (1999) Antisense repression of hexokinase 1 leads to an overaccumulation of starch in leaves of transgenic potato plants but not to significant changes in tuber carbohydrate metabolism. *Plant Physiol* 121: 123-134

- 45 Wasilewska A, Vlad F, Sirichandra C, Redko Y, Jammes F, Valon C, Frei dit Frey N, Leung J (2008) An update on abscisic acid signaling in plants and more. *Mol Plant* 1: 198-217

Wiese A, Groner F, Sonnewald U, Deppner H, Lerchl J, Hebbeker U, Flugge U, Weber A (1999) Spinach hexokinase I is located in the outer envelope membrane of plastids. *FEBS Lett* 461: 13-18

Wilkinson S, Davies WJ (1997) Xylem sap pH increase: a drought signal received at the apoplastic face of the guard cell that involves the suppression of saturable abscisic acid uptake by the epidermal symplast. Plant Physiol 113: 559-573

5 Xu FQ, Li XR, Ruan YL (2008) RNAi-mediated suppression of hexokinase gene OshXK10 in rice leads to non-dehiscent anther and reduction of pollen germination. Plant Science 175: 674-684

Yang Y, Costa A, Leonhardt N, Siegel RS, Schroeder JI (2008) Isolation of a strong Arabidopsis guard cell promoter and its potential as a research tool. Plant Methods 4: 6

10 Yu F, Li LM, Yang PP, Wang XQ (2012) Hexokinase from grape berries: its prokaryotic expression, polyclonal antibody preparation and biochemical property analyses. J. Plant Biochem. Biotechnol. DOI 10.1007/s13562-012-0163-9

Zhu GH, Liu YG, Ye NH, Liu R, Zhang JH (2011) Involvement of the abscisic acid catabolic gene CYP707A2 in the glucose-induced delay in seed germination and post-germination growth of Arabidopsis. Physiol Plant 143: 375-384

Listado de secuencias

15 <110> The State of Israel, Ministry of Agriculture & Rural Development, Agricultural Research Organization, (A.R.O.), Volcani Center Granot, David Kelly, Gilor Moshelion, Menachem

<120> MÉTODOS PARA MODULAR LA CONDUCTANCIA DE ESTOMAS Y LAS CONSTRUCCIONES DE EXPRESIÓN DE PLANTAS PARA EJECUTARLOS

20 <130> 55325

<150> US 61/569,251

<151> 11-12-2011

25 <160> 108

<170> PatentIn version 3.5

30 <210> 1

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

35 <220>

<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

<400> 1

40 cgtcgtgttt ggacaagttg 20

<210> 2

<211> 19

<212> ADN

45 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

50 <400> 2

ccgcagtcag caataacca 19

<210> 3

55 <211> 19

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

60 <223> Oligonucleótido ADN monocatenario

<400> 3

gactgtctgg gagaggagt 19

5 <210> 4
<211> 22
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

10 <220>
<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

<400> 4

15 aaggtacatt gaatgagagg ca 22

<210> 5
<211> 19
<212> ADN

20 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

25 <400> 5

gtcctcccat cttcccttg 19

<210> 6

30 <211> 21
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

35 <223> Oligonucleótido ADN monocatenario

<400> 6

40 cccaagtaca taccagaaca t 21

<210> 7
<211> 21
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

<400> 7

50 gcgatattat cacctctcgt g 21

<210> 8
<211> 21
<212> ADN

55 <213> Secuencia artificial

<220>
<223> Oligonucleótido ADN monocatenario

60 <400> 8

ctgcttctct ccgtctttaa a 21

65 <210> 9
<211> 21

<212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 5 <223> Oligonucleótido ADN monocatenario
 <400> 9
 gctgaggaca cctgatatat g 21
 10
 <210> 10
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 15
 <220>
 <223> Oligonucleótido ADN monocatenario
 <400> 10
 20 gatcggattt taccagct a 21
 <210> 11
 <211> 2030
 25 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 11

ES 2 651 244 T3

```

aagctctcgc ttacgtgggt tctacactgt ttttgacgaa cccaccaagc tcgagtagat      60
cggattataga tccatcttag gtttctctaa tttctctcaa ttcactccaa aattttgatt      120
atttcttctt tctggcttgt caattttagt catttgtaat ccttgctttt gcgatcggaa      180
tcgtaaaaat ccgatctttc ttttagattc gttttgtttt tgattccaaa tcggaaaaat      240
gggtaaagta gctgttggag cgactgttgt ttgcacggcg gcggtttgtg cgggtgctgt      300
tttggttgtt cgacgacgga tgcagagctc aggggaagtgg ggacgtgttt tggctatcct      360
caaggccttt gaagaggatt gtgcgactcc gatctcgaaa ctgagacaag tggctgatgc      420
tatgaccggt gagatgcatg ctggtcttgc atccgacggt ggtagcaaac tcaagatgct      480
tatcagctac gttgataatc ttccttccgg ggatgaaaag ggtctctttt atgcattgga      540
cctagggggg acaaacttcc gtgtcatgcg tgtgcttctt ggcggaagc aagagcgtgt      600
tgttaacaa gaattcgaag aagtttcgat tcctcctcat ttgatgactg gtggttcaga      660
tgagtgttc aattttatag ctgaagctct tgcgaagttt gtcgctacag aatgcgaaga      720
ctttcatctt ccagaaggta gacagaggga attaggtttc actttctcgt ttcctgttaa      780
gcagacttct ctgtcctctg gtagtctcat caaatggaca aaaggctttt ccatcgaaga      840
agcagttgga caagatgttg ttggagcact taataaggct ctggaaagag ttggtcttga      900
catgcgaatc gcagcacttg ttaatgatac cgttggaaca ctagccggtg gtagatacta      960
taacccgat gttgttgctg ctgttatttt aggcactggg acaaacgcag cctatgttga     1020
gcgtgcaacc cggatcccta aatggcatgg tctgcttcca aaatcaggag aaatggttat     1080
aaacatggaa tggggaaact tcaggtcatc acatcttcca ttaaccgagt ttgatcacac     1140
gctggatttc gagagtctga atccaggcga acagattctt gagaaaatca tttccggtat     1200
gtacttggga gagattttgc gaagagtctt tctaagatg gctgaagatg ctgctttctt     1260
tggcgataca gtcccatcta agctgagaat accattcatc attaggactc ctcacatgtc     1320
ggctatgcac aacgacactt ctccagactt gaagattgtt gggagcaaga ttaaggatat     1380
attggaggtc cctacaactt ctctgaaaat gagaaaagtt gtgatcagtc tctgcaacat     1440
catagcaacc cgaggagctc gtctctctgc tgctggaatc tatggtattc tgaagaaact     1500
gggaagagat actactaaag acgaggaggt gcagaaatcg gttatagcca tggatggtgg     1560
attgtttgag cattacactc agtttagtga gtgtatggag agctcactaa aagagttgct     1620
tggagatgaa gcttcaggaa gcgttgaagt cactcactcc aatgatggat caggcattgg     1680
agctgcgctt cttgtgtctt ctactctct ctacctgaa gactcttaaa acctacccaa     1740
agagcgccat ttttcggtaa tttactgaaa gcttttctgct atcagaaaaac gcctaagcca     1800
agttctaagg cgtcataaaa gaaagcattc catgttttta ctcttcccca agactttctt     1860
tgtagcaaat aagtttcctt gggagaaata tttgttttca tgttcttcaa aaataaaaga     1920
ctcagttctt cagattctgg gattttatta taaccagata tgttgtaaaa actacaaatt     1980
caaagctcac ttcactggag ttctgagtat ataaagattt catttttcct     2030

```

5 <210> 12
 <211> 496
 <212> PRT

ES 2 651 244 T3

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 12

Met Gly Lys Val Ala Val Gly Ala Thr Val Val Cys Thr Ala Ala Val
1 5 10 15

Cys Ala Val Ala Val Leu Val Val Arg Arg Arg Met Gln Ser Ser Gly
20 25 30

Lys Trp Gly Arg Val Leu Ala Ile Leu Lys Ala Phe Glu Glu Asp Cys
35 40 45

Ala Thr Pro Ile Ser Lys Leu Arg Gln Val Ala Asp Ala Met Thr Val
50 55 60

Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Asp Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
65 70 75 80

Leu Ile Ser Tyr Val Asp Asn Leu Pro Ser Gly Asp Glu Lys Gly Leu
85 90 95

Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Met Arg Val
100 105 110

5 Leu Leu Gly Gly Lys Gln Glu Arg Val Val Lys Gln Glu Phe Glu Glu

ES 2 651 244 T3

115					120					125					
Val	Ser	Ile	Pro	Pro	His	Leu	Met	Thr	Gly	Gly	Ser	Asp	Glu	Leu	Phe
130						135					140				
Asn	Phe	Ile	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Lys	Phe	Val	Ala	Thr	Glu	Cys	Glu
145					150					155					160
Asp	Phe	His	Leu	Pro	Glu	Gly	Arg	Gln	Arg	Glu	Leu	Gly	Phe	Thr	Phe
			165					170						175	
Ser	Phe	Pro	Val	Lys	Gln	Thr	Ser	Leu	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Ile	Lys
			180					185					190		
Trp	Thr	Lys	Gly	Phe	Ser	Ile	Glu	Glu	Ala	Val	Gly	Gln	Asp	Val	Val
		195					200					205			
Gly	Ala	Leu	Asn	Lys	Ala	Leu	Glu	Arg	Val	Gly	Leu	Asp	Met	Arg	Ile
	210					215					220				
Ala	Ala	Leu	Val	Asn	Asp	Thr	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Gly	Arg	Tyr
225					230					235					240
Tyr	Asn	Pro	Asp	Val	Val	Ala	Ala	Val	Ile	Leu	Gly	Thr	Gly	Thr	Asn
				245					250					255	
Ala	Ala	Tyr	Val	Glu	Arg	Ala	Thr	Ala	Ile	Pro	Lys	Trp	His	Gly	Leu
			260					265					270		
Leu	Pro	Lys	Ser	Gly	Glu	Met	Val	Ile	Asn	Met	Glu	Trp	Gly	Asn	Phe
		275					280					285			
Arg	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Leu	Thr	Glu	Phe	Asp	His	Thr	Leu	Asp	Phe
	290					295					300				
Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Gly	Glu	Gln	Ile	Leu	Glu	Lys	Ile	Ile	Ser	Gly
305					310					315					320
Met	Tyr	Leu	Gly	Glu	Ile	Leu	Arg	Arg	Val	Leu	Leu	Lys	Met	Ala	Glu
				325					330					335	
Asp	Ala	Ala	Phe	Phe	Gly	Asp	Thr	Val	Pro	Ser	Lys	Leu	Arg	Ile	Pro
			340					345					350		
Phe	Ile	Ile	Arg	Thr	Pro	His	Met	Ser	Ala	Met	His	Asn	Asp	Thr	Ser
	355						360					365			

ES 2 651 244 T3

Pro Asp Leu Lys Ile Val Gly Ser Lys Ile Lys Asp Ile Leu Glu Val
370 375 380

Pro Thr Thr Ser Leu Lys Met Arg Lys Val Val Ile Ser Leu Cys Asn
385 390 395 400

Ile Ile Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile Tyr Gly
405 410 415

Ile Leu Lys Lys Leu Gly Arg Asp Thr Thr Lys Asp Glu Glu Val Gln
420 425 430

Lys Ser Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr Thr Gln
435 440 445

Phe Ser Glu Cys Met Glu Ser Ser Leu Lys Glu Leu Leu Gly Asp Glu
450 455 460

Ala Ser Gly Ser Val Glu Val Thr His Ser Asn Asp Gly Ser Gly Ile
465 470 475 480

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Leu Tyr Leu Glu Asp Ser
485 490 495

<210> 13

<211> 1815

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 13

tttccaactt ttttttttat taatttgggc caactttttt tggtttgaga attgggcgag	60
ggagaaagat gggtaaagtg gcagttgcaa cgacggtagt gtgttcggtg gcggtatgtg	120
cggcggcggc gttgatagta cggaggagaa tgaaaagcgc agggaaatgg gcaagagtga	180
tagagatatt gaaagccttt gaagaagatt gtgcaacgcc aattgccaaa ttgagacaag	240
tggctgatgc tatgactggt gagatgcatg ctggtcttgc ttctgaaggt ggcagcaagc	300
ttaagatgct tattagctac gttgataatc ttccttcttg ggatgagact ggttttttct	360
atgcgttgga tctaggcgga acaacttcc gtgttatgcg tgtgcttctt ggtgggaagc	420
acgaccgtgt tgtaaacga gaattcaaag aagaatctat tcctcctcat ttgatgaccg	480
ggaagtcaca tgaattattc gattttatcg ttgatgttct tgccaagttt gtcgctacag	540
aaggcgagga ctttcatctc ccacctggta gacaacggga actaggtttt actttctcat	600
ttccggttaa gcagctatct ttatcctctg gcactctcat caactggacg aagggtttt	660
ccattgacga tacagttgat aaagatgttg ttggagaact tgtaaagct atggaaagag	720
ttgggctgga catgcttgtc gcagcgcttg ttaatgatac cattggaaca cttgcgggtg	780

ES 2 651 244 T3

```

gtagatacac taaccoggat gtcgttgtcg cagttatattt gggcaccggc acaaatgcag      840
cctatgtcga acgtgcacat gcaattccca aatggcatgg ttgctaccc aaatcaggag      900
aaatggtgat caacatggaa tggggaaact tcaggtcatc acatcttcca ttgacagagt      960
acgaccactc tctagatgtc gatagtttga atcctgggtga acagattctt gagaaaatca     1020
tttccggaat gtatctggga gaaatcttgc gtagagttct tctgaagatg gctgaagaag     1080
ctgccttctt tggcgatatc gtcccaccta agctgaaaat accattcatc ataaggaccc     1140
cgaacatgtc tgctatgcac agtgatactt ccccgattt gaaggttgta ggaagcaagt     1200
taaaagacat attggaggtc cagactagtt ctctgaagat gaggaaagtt gtgatcagcc     1260
tatgtaacat cattgcaagc cgaggagctc gtttatctgc tgcggggatc tatggaatcc     1320
tcaagaaaat aggaagagac gcaacaaaag atggagaagc tcagaaatct gtgatagcga     1380
tggacggtgg gctattcgag cattacactc agttcagtga gtcgatgaag agttcattga     1440
aagagttgct tggagatgaa gtttcagaga gtgttgaagt gatactgtcg aatgatgggt     1500
cagggtgttg agctgcatta cttgctgctt ctactctca gtatctcgaa cttgaagatg     1560
actctgaaac aagttaattt taaaagcctt tttttgtgt ttaaccttct tctttgtttt     1620
gccgttaggg tttaaacaaa taaaaaaaag taagaaggta aaaatgccct tttgggaaat     1680
tttatTTTTg acaattttca ggaacaataa aacctggatt cttcatcaa gctctgggaa     1740
attcaaacga ccagccaatg ttgtagaact atacatatat attcgagttc tttctatgaa     1800
cgttcatttt ttccc                                     1815

```

<210> 14

<211> 502

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 14

```

Met Gly Lys Val Ala Val Ala Thr Thr Val Val Cys Ser Val Ala Val
1          5          10          15

```

```

Cys Ala Ala Ala Ala Leu Ile Val Arg Arg Arg Met Lys Ser Ala Gly
20          25          30

```

```

Lys Trp Ala Arg Val Ile Glu Ile Leu Lys Ala Phe Glu Glu Asp Cys
35          40          45

```

```

Ala Thr Pro Ile Ala Lys Leu Arg Gln Val Ala Asp Ala Met Thr Val
50          55          60

```

```

10 Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
65          70          75          80

```

ES 2 651 244 T3

Leu Ile Ser Tyr Val Asp Asn Leu Pro Ser Gly Asp Glu Thr Gly Phe
 85 90 95
 Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Met Arg Val
 100 105 110
 Leu Leu Gly Gly Lys His Asp Arg Val Val Lys Arg Glu Phe Lys Glu
 115 120 125
 Glu Ser Ile Pro Pro His Leu Met Thr Gly Lys Ser His Glu Leu Phe
 130 135 140
 Asp Phe Ile Val Asp Val Leu Ala Lys Phe Val Ala Thr Glu Gly Glu
 145 150 155 160
 Asp Phe His Leu Pro Pro Gly Arg Gln Arg Glu Leu Gly Phe Thr Phe
 165 170 175
 Ser Phe Pro Val Lys Gln Leu Ser Leu Ser Ser Gly Thr Leu Ile Asn
 180 185 190
 Trp Thr Lys Gly Phe Ser Ile Asp Asp Thr Val Asp Lys Asp Val Val
 195 200 205
 Gly Glu Leu Val Lys Ala Met Glu Arg Val Gly Leu Asp Met Leu Val
 210 215 220
 Ala Ala Leu Val Asn Asp Thr Ile Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr
 225 230 235 240
 Thr Asn Pro Asp Val Val Val Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
 245 250 255
 Ala Ala Tyr Val Glu Arg Ala His Ala Ile Pro Lys Trp His Gly Leu
 260 265 270
 Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
 275 280 285
 Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp His Ser Leu Asp Val
 290 295 300
 Asp Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Leu Glu Lys Ile Ile Ser Gly
 305 310 315 320
 Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Leu Lys Met Ala Glu

ES 2 651 244 T3

325 330 335
 Glu Ala Ala Phe Phe Gly Asp Ile Val Pro Pro Lys Leu Lys Ile Pro
 340 345 350
 Phe Ile Ile Arg Thr Pro Asn Met Ser Ala Met His Ser Asp Thr Ser
 355 360 365
 Pro Asp Leu Lys Val Val Gly Ser Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Val
 370 375 380
 Gln Thr Ser Ser Leu Lys Met Arg Lys Val Val Ile Ser Leu Cys Asn
 385 390 395 400
 Ile Ile Ala Ser Arg Gly Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile Tyr Gly
 405 410 415
 Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Ala Thr Lys Asp Gly Glu Ala Gln
 420 425 430
 Lys Ser Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr Thr Gln
 435 440 445
 Phe Ser Glu Ser Met Lys Ser Ser Leu Lys Glu Leu Leu Gly Asp Glu
 450 455 460
 Val Ser Glu Ser Val Glu Val Ile Leu Ser Asn Asp Gly Ser Gly Val
 465 470 475 480
 Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Leu Glu Leu Glu
 485 490 495
 Asp Asp Ser Glu Thr Ser
 500

<210> 15

<211> 1653

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 15

tcttcggttct tacaaaacag aaccaaactt cgacaatgtc actcatgttt tcttccctg	60
tcgtcaccoc agcaactcgga tctttcacct tctcatctcg accacgctcc aattacatcg	120
tgatgtccgc cgtccgatct aactctgctt cgacgtgtcc tatactgacc aagtttcaga	180
aagactgcgc cactcctaca ccgtacctac gcaacgtagc caacgccatt gctgatgaca	240
tgcgagatgg tctagctggt gaaggaggag gagatctcga gatgatcttg acttttggtg	300

ES 2 651 244 T3

```

acgctttgcc ttctgggaat gaggaagggt tgttctatgc attggattta ggaggtacaa      360
attttcgggt gcgtagcgtg caattaggag gaaagaaaga gcgagtctta gctaccgaat      420
ctgaacaaat atctatttct caaaagctta tgattggtac aagtgaggag cttttcgggt      480
tcattgcttc aaagcttgca aattttgttg caaaggagaa gccaggtcgg tttcttttag      540
aagaaggagg gaaaaggagg ttagggttta ctttttcatt ccctgtgaag caaacctcta      600
ttgattcagg cacattaagc aagtggacta aaggctttaa agtgtctgga atggaaggaa      660
aaaatgtggg tgcttggtta aatgaagcta tggaagcaca tggactcgat atgcgagttt      720
ctgctcttgt aaatgatgga gtgggaacat tagctggagc aaggatttgg gatgaggatg      780
tgatggtcgg tgtgattcct ggcactggga ccaatgcttg ttatgtagaa cagaaacatg      840
caattcctaa actccgaagc aaatcttctt ctggaacaac gatcataaac actgagtggg      900
gagggttctc taagattcct ccgcaacca tttttgacct agagatggat gagacaagcc      960
tgaatcctgg tgaacattta tatgagaaga tgatctcagg gatgtacctt ggtgaaattg     1020
taaggagggt tttgctccat atgtgtgaaa ctagtgactt gtttggacac ttcgctcctg     1080
ccaaactctc cactcctttg gcactcagga ccgagcatct atgcaaaatg caagaggaca     1140
atacagatga tcttcgggat gttggatcaa tcctatacga ctttttagat gtagaggcga     1200
atatgaatgc aaggaggaga gtggtggaag tgtgtgacac agtagtgaaa cgcggagggc     1260
gtctagcagg agctggtata gtggcaattc tggagaagat tgaaaaagat accaaaagaa     1320
tgggttcagg taaaagaacc gttgtggcta tggacggtgc actgtatgag aagtaccac      1380
aatatcgaca gtatatgcaa gacgcactag tcgagcttct tggccataag cttgcaagtc      1440
acgttgcgat caaacatacc aaagacgtgt ctgggctcgg tgctgctctt ttggcggcca      1500
ctaactccat ttactagtag ttggacctct acttcatgag tataggagga cttttggtcc      1560
atttgtttgt gtacatttat ataagatatc atatcaatat caataagatt gtaaagagga      1620
gcaacgaact agcagaagat tatgtcttgg acc                                  1653

```

<210> 16

<211> 493

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 16

```

Met Ser Leu Met Phe Ser Ser Pro Val Val Thr Pro Ala Leu Gly Ser
1              5              10             15

```

```

Phe Thr Phe Ser Ser Arg Pro Arg Ser Asn Tyr Ile Val Met Ser Ala
                20              25             30

```

```

Val Arg Ser Asn Ser Ala Ser Thr Cys Pro Ile Leu Thr Lys Phe Gln

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Gly Gly Phe Ser Lys Ile Leu Pro Gln Thr Ile Phe Asp Leu Glu Met
290 295 300

Asp Glu Thr Ser Leu Asn Pro Gly Glu His Leu Tyr Glu Lys Met Ile
305 310 315 320

Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Leu His Met
325 330 335

Cys Glu Thr Ser Asp Leu Phe Gly His Phe Ala Pro Ala Lys Leu Ser
340 345 350

Thr Pro Leu Ala Leu Arg Thr Glu His Leu Cys Lys Met Gln Glu Asp
355 360 365

Asn Thr Asp Asp Leu Arg Asp Val Gly Ser Ile Leu Tyr Asp Phe Leu
370 375 380

Asp Val Glu Ala Asn Met Asn Ala Arg Arg Arg Val Val Glu Val Cys
385 390 395 400

Asp Thr Val Val Lys Arg Gly Gly Arg Leu Ala Gly Ala Gly Ile Val
405 410 415

Ala Ile Leu Glu Lys Ile Glu Lys Asp Thr Lys Arg Met Gly Ser Gly
420 425 430

Lys Arg Thr Val Val Ala Met Asp Gly Ala Leu Tyr Glu Lys Tyr Pro
435 440 445

Gln Tyr Arg Gln Tyr Met Gln Asp Ala Leu Val Glu Leu Leu Gly His
450 455 460

Lys Leu Ala Ser His Val Ala Ile Lys His Thr Lys Asp Val Ser Gly
465 470 475 480

Leu Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Thr Asn Ser Ile Tyr
485 490

<210> 17

<211> 2074

5 <212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 17

aatccataaa tctcttcctc tctctctttc ttatttaatc gtcacttgac cgccggtaag 60

aaactcgaga gtttgaatcg ttttttaacc ctgcgcggtg attattgact ggaaaacacc 120

10 aaacgaatcg aagcagttag tttacaggta gagcagtgac agctgagcaa aaaaaaaggc 180

ES 2 651 244 T3

```

ggcggaaaaa aaagtagtag tagttgatga tgatgaagat ggtgaaacag attcgtatag      240
ggttttctaa tcggcgggtg tcgctgttcg tgaactcttt attggagtaa gtaaaaagcg      300
ccagagagag agatattgtg tatttgtctt tttggttctg ttttgggatg gggaaagtgg      360
cgggttgcgtt tgccggcgggt gctgttggtt cggcttggtc tgttgccgcg gtgatggttg      420
ggaggaggat gaagagtcgg aggaaatgga ggactgttgt tgagattttg aaagagttgg      480
aggatgattg tgatactccg gttgggaggt tgaggcaagt ggttgatgct atggccgtgg      540
agatgcacgc tggtttggt tctgaagggt gctctaagct taaaatgctc ctcaactttcg      600
tcgatgattt gccactggg agggagaaag gtacttatta tgcacttcac cttggaggca      660
cttattttag gattttaagg gttcttcttg gtgatcaaag gtcttatcta gatgttcaag      720
atgttgaacg acaccaata cttcacatt tgatgaatag caccagcgag gttcttttca      780
actttctcgc cttttccttg gaaaggttta ttgaaaagga ggaaaacggg tccgattcac      840
aagggtgttag aagggaactt gcatttacgt tctcattccc tgtcaagcat acttctattt      900
cttcaggagt tctaattaaa tggaccaaag gttttgagat tagtgaaatg gttgggcaag      960
atatagctga atgtctacaa ggagctctga acagaagagg cctagatatg catgttgccg      1020
ctcttgtgaa tgatactgtt ggagccttgt cgcttgata ttatcacgat ccagatacgg      1080
ttgttgccgt tgtatttgga acaggtagta atgcatgtta cttggaaaga accgatgcca      1140
taatcaagtg tcagggtctg cttacaactt ctggaagcat ggtggtaaat atggagtggg      1200
gaaatttttg gtccctctcat ttgcctagaa cttcgtatga cattgacttg gatgcagaga      1260
gttcaaatgc aaatgatatg ggatttgaga agatgatatc aggaatgtat ctgggtgaca      1320
ttgttcgtag agtaattctc cgcatgtcag aagattctga tatctttgga cccatctcgc      1380
ccgtgttata tgagccttac gttctaagaa caaattcagt ctcagccata catgaagatg      1440
acacacctga gttacaagaa gtagcaagaa tcttgaaaga cataggggta tcagatgtac      1500
cactgaaggt gagaaaacta gtggtgaaaa tatgcgatgt ggttacacga agagcaggga      1560
ggcttgccgc agcaggaata gcaggaatct tgaagaagat aggccgagat ggaagcgggg      1620
gaatcacgag cgggagaagc agaagtgaat tccaaatgca gaaaagaaca gttgttgccg      1680
tagaaggagg tttgtacatg aattacacca tgtttaggga atacatggaa gaagctctcg      1740
tagagatact aggagaagaa gtgagtcaat acgtggtggt taaagccatg gaagatggtt      1800
ctagcattgg ctctgctctc ctctgtgcct ctttacagtc atgaatcatc atcgtcgtcg      1860
ttcgtattaa atggtgatat aattggttat gttcgtcctt gtgtgtgtat atagattatt      1920
caatatattg ttgttggtta ttataattat tattattcta tatagctttt gtgtaaatgc      1980
ttaggaaggt tttatgtatt ctttgtttct totattcgta tgatgtgtac tggaaaatag      2040
gtactggggt ttttaaaaa tgatttacac tgtc                                     2074

```

5 <210> 18
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 18

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

210		215		220
Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Ala Leu Ser Leu Gly Tyr Tyr His				
225		230		240
Asp Pro Asp Thr Val Val Ala Val Val Phe Gly Thr Gly Ser Asn Ala				
	245		250	255
Cys Tyr Leu Glu Arg Thr Asp Ala Ile Ile Lys Cys Gln Gly Leu Leu				
	260		265	270
Thr Thr Ser Gly Ser Met Val Val Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe Trp				
	275		280	285
Ser Ser His Leu Pro Arg Thr Ser Tyr Asp Ile Asp Leu Asp Ala Glu				
	290		295	300
Ser Ser Asn Ala Asn Asp Met Gly Phe Glu Lys Met Ile Ser Gly Met				
	305		310	320
Tyr Leu Gly Asp Ile Val Arg Arg Val Ile Leu Arg Met Ser Glu Asp				
	325		330	335
Ser Asp Ile Phe Gly Pro Ile Ser Pro Val Leu Ser Glu Pro Tyr Val				
	340		345	350
Leu Arg Thr Asn Ser Val Ser Ala Ile His Glu Asp Asp Thr Pro Glu				
	355		360	365
Leu Gln Glu Val Ala Arg Ile Leu Lys Asp Ile Gly Val Ser Asp Val				
	370		375	380
Pro Leu Lys Val Arg Lys Leu Val Val Lys Ile Cys Asp Val Val Thr				
	385		390	395
Arg Arg Ala Gly Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Ala Gly Ile Leu Lys				
	405		410	415
Lys Ile Gly Arg Asp Gly Ser Gly Gly Ile Thr Ser Gly Arg Ser Arg				
	420		425	430
Ser Glu Ile Gln Met Gln Lys Arg Thr Val Val Ala Val Glu Gly Gly				
	435		440	445
Leu Tyr Met Asn Tyr Thr Met Phe Arg Glu Tyr Met Glu Glu Ala Leu				
	450		455	460
Val Glu Ile Leu Gly Glu Glu Val Ser Gln Tyr Val Val Val Lys Ala				
	465		470	475
Met Glu Asp Gly Ser Ser Ile Gly Ser Ala Leu Leu Val Ala Ser Leu				
	485		490	495
Gln Ser				

<211> 2039
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

5 <400> 19

gcgctccttct tctgactctt accaaaattt tatcaatctc tccctcgccg cgccttttctg	60
ccggaaggac ataactttta ccgggatttg ttgtctacaa gggaacctcg agcgcaaggc	120
tgtttaatcg gaagaatctg gagtcacgga gaagcaaaaa tgaacaaaa gagagacct	180
ttatgctgag acggtttaat tttgtatctg tgggtataga aaggaatcgt ttgcatgaa	240
atggagcctt ataggggtat tctgatcggg ggttgaagcg ttgtcatttg catttcgtgt	300
cattctgggt atagactctg tttcaattgc ttctcgtcgt aaaggcggtt gcttttgtga	360
gtaattttatc tcgattcttc tgaaagacgt agaaagagag aaggttgtgt atagatattg	420
gaaatgggga aggttttggt gatgttgacg gcagctgcgg ctgtggtggc ttgttcagt	480
gcgactgtga tggtgagaag gaggatgaaa gggaggagga aatggaggag ggtggtgggt	540
ttacttaagg atttgaggga agcttgtgag acgcctttag gaagggtgag gcagatggtt	600
gatgccatag ctgtggagat gcaagctggt ttggtttctg aaggagggtc aaagcttaaa	660
atgttgctca cttttgttga tgatcttccc aatgggagcg agacaggaac ctattatgca	720
cttcactctg gaggtccta ctttaggata ataaagggtc atctaggtgg tcaaagatca	780
tctcttgaag ttcaagatgt tgaacgacat tccataccaa catctttgat gaatagcact	840
agcgagggtc tcttcgactt tctcgcatca tccttcgaga ggtttattga aaaagaagg	900
aacgatttca gtttgtcaca acctttaaaa agggaaacttg cgtttacttt ttctttccca	960
gtcaagcaga catccatctc atcaggagtt ctaattaaat ggaccaaagg ttttgcaatt	1020
agtgaaatgg ctggggaaga cattgctgaa tgtctacaag gagcggtgaa caagagagg	1080
ctagatattc gcgttgacg tcttgtgaat gatactgttg gggctttatc ctttgacat	1140
tttcatgacc cagacacaat tgctgctggt gtctttggaa caggtagtaa tgcattgtac	1200
cttgaacgaa ctgatgccat aatcaagtgt caaaatccac gcacgacttc tggaagcatg	1260
gtggtcaata tggagtgggg aaacttttgg tcatctcgtc tgccaagaac ttcatatgac	1320
cttgagttgg atgcagagag tatgaattca aatgacatgg gctttgagaa gatgatagga	1380

ES 2 651 244 T3

gggatgtatc tgggogacat tgtccgcaga gtaattcttc gaatgtcaca agagtccgac 1440
atctttggac ctatctcatc ctttttatcc acgcctttcg ttctgagaac aaattctgtc 1500
tcagcaatgc atgaagatga cacatccgag ttacaagaag tagcacgaat cttgaaagat 1560
ttaggggtgt cagaggtacc aatgaaggtg aggaaacttg tagtgaagat ctgcgatgta 1620
gtgacacgca gagcagctag gctagcagca gcaggaattg caggaatctt gaagaaggta 1680
gggagagatg ggagcggagg aggaaggaga agcgataagc agataatgag aagaacagtg 1740
gtggcagttg aaggaggtct gtatttgaac tacaggatgt tcagagaata tatggacgaa 1800
gctctgagag atatactggg agaagatgtg gctcaacacg tagtggtgaa ggccatggaa 1860
gatggttcca gcattggctc tgcattgttg ctggcttcgt caciaagtgt tcaacaata 1920
ccatccgtat gaataatttg tgtacatatt tacaatgtat atagccaatt gttttagaag 1980
catgtaggtt tgtgtaaata ttgtaggcac tttttagttt cttctactca tgattaagt 2039

<210> 20

<211> 502

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 20

Met Gly Lys Val Leu Val Met Leu Thr Ala Ala Ala Val Val Ala
1 5 10 15

Cys Ser Val Ala Thr Val Met Val Arg Arg Arg Met Lys Gly Arg Arg
20 25 30

Lys Trp Arg Arg Val Val Gly Leu Leu Lys Asp Leu Glu Glu Ala Cys
35 40 45

Glu Thr Pro Leu Gly Arg Leu Arg Gln Met Val Asp Ala Ile Ala Val
50 55 60

Glu Met Gln Ala Gly Leu Val Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
65 70 75 80

Leu Leu Thr Phe Val Asp Asp Leu Pro Asn Gly Ser Glu Thr Gly Thr
85 90 95

Tyr Tyr Ala Leu His Leu Gly Gly Ser Tyr Phe Arg Ile Ile Lys Val
100 105 110

His Leu Gly Gly Gln Arg Ser Ser Leu Glu Val Gln Asp Val Glu Arg
115 120 125

10

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Val Pro Met Lys Val Arg Lys Leu Val Val Lys Ile Cys Asp Val Val
385 390 395 400

Thr Arg Arg Ala Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Ala Gly Ile Leu
405 410 415

Lys Lys Val Gly Arg Asp Gly Ser Gly Gly Gly Arg Arg Ser Asp Lys
420 425 430

Gln Ile Met Arg Arg Thr Val Val Ala Val Glu Gly Gly Leu Tyr Leu
435 440 445

Asn Tyr Arg Met Phe Arg Glu Tyr Met Asp Glu Ala Leu Arg Asp Ile
450 455 460

Leu Gly Glu Asp Val Ala Gln His Val Val Val Lys Ala Met Glu Asp
465 470 475 480

Gly Ser Ser Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Ala Ser Ser Gln Ser Val
485 490 495

Gln Thr Ile Pro Ser Val
500

<210> 21

<211> 1482

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 21

atgaccagga aagaggtggt tctggccgtg acggtctgcaa ccattacggc ggttgacgca	60
ggtgtactaa tgggtcggtg gatccggagg aaagagcggc ggttgaaaca tacgcagaga	120
atattgagga aattcgctag agaatgcgcc acgccggttt cgaagctttg ggcggtggcg	180
gacgccttgg tcgcgacat gaccgcctct ttaaccgccg agtggttcgg ttccctcaac	240
atgctcgttt cattcaccgg ttctctccct tccggtgatg agaaaggggt aactatgga	300
gtcaacttga gaggaagga actattactg ttacgtggga cgctaggtgg taacgaagag	360
cctatttccg atgtacagaa gcatgagatt ccgatccctg acgatgtttt aaatggttct	420
ttcaaggagt tgtgcgattt catatcattg gagcttggtt aatttcttgc gatgaatccc	480
ggtggagaag cagaagaagt gaagaatctc gggtttacgt tgacgcgctc tgttgagcag	540
attgggtcac attcaatctc gtcgatacat aggaagagtt tagcaaatga cgatgatgag	600
aaggttttga aagatttggg gaatgatatg aatgaatcac tggaaacaca cggctctgaaa	660
attcggatga acacagcgct ggtggataat actataggag aattggctgg aggaaggtat	720

ES 2 651 244 T3

```
tatcacaagg acaactgtggc tgcagtatca ttaggtatgg gaaccaacgc tgcttacatt 780
gaacaagctc aagagatatc gaggtggaaa tctgcgatac gtgagccaca agagatcggt 840
gttagcacag agtggggaga ttccagatct tgccatcttc ctataaccga gttcgatgct 900
tctcttgacg cggaaagctt gaatcccgga catcgaatat ttgagaagat ggtgtcagga 960
agatacttag gggagatagt aagaagagtg ttactaaaaa tgtctgaaga atctgctctc 1020
tttgagata cactacctcc aaaactcaca attccttaca ttttatggtc tccagatatg 1080
gctgcaatgc atcaagatat atccgaagaa cgggagactg taaacaaaaa gctcaaggaa 1140
gttttcggta taatggattc aactcttgcg gcgagagaag ttgtagttga agtatgcat 1200
gtagtgcggg aacgagcggc tcgttttagcg ggagcaggaa tagttgggat gataaagaag 1260
cttggaagat tagagaagaa aatgagcatt gtgatagttg aaggaggatt gtatgatcat 1320
tatagggtat ttagaaacta tcttcatagc agcgtttggg aaatgcttgg tgatgagtta 1380
tcagatcacg tcgtcattga gcattctcac ggtggatctg ctgccggagc tctcttcctt 1440
gccgcatgtg gcgacgggtc tcaagattct gaaagcaagt ga 1482
```

<210> 22

<211> 493

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 22

```
Met Thr Arg Lys Glu Val Val Leu Ala Val Thr Ala Ala Thr Ile Thr
1 5 10 15
```

```
Ala Val Ala Ala Gly Val Leu Met Gly Arg Trp Ile Arg Arg Lys Glu
20 25 30
```

```
Arg Arg Leu Lys His Thr Gln Arg Ile Leu Arg Lys Phe Ala Arg Glu
35 40 45
```

```
Cys Ala Thr Pro Val Ser Lys Leu Trp Ala Val Ala Asp Ala Leu Val
50 55 60
```

```
Ala Asp Met Thr Ala Ser Leu Thr Ala Glu Cys Cys Gly Ser Leu Asn
65 70 75 80
```

```
Met Leu Val Ser Phe Thr Gly Ser Leu Pro Ser Gly Asp Glu Lys Gly
85 90 95
```

```
Val His Tyr Gly Val Asn Leu Arg Gly Lys Glu Leu Leu Leu Leu Arg
100 105 110
```

```
Gly Thr Leu Gly Gly Asn Glu Glu Pro Ile Ser Asp Val Gln Lys His
```

ES 2 651 244 T3

115	120	125
Glu Ile Pro Ile Pro Asp Asp Val Leu Asn Gly Ser Phe Lys Glu Leu 130 135 140		
Cys Asp Phe Ile Ser Leu Glu Leu Val Lys Phe Leu Ala Met Asn Pro 145 150 155 160		
Gly Gly Glu Ala Glu Glu Val Lys Asn Leu Gly Phe Thr Leu Thr Arg 165 170 175		
Ser Val Glu Gln Ile Gly Ser His Ser Ile Ser Ser Ile His Arg Lys 180 185 190		
Ser Leu Ala Asn Asp Asp Asp Glu Lys Val Leu Lys Asp Leu Val Asn 195 200 205		
Asp Met Asn Glu Ser Leu Glu Thr His Gly Leu Lys Ile Arg Met Asn 210 215 220		
Thr Ala Leu Val Asp Asn Thr Ile Gly Glu Leu Ala Gly Gly Arg Tyr 225 230 235 240		
Tyr His Lys Asp Thr Val Ala Ala Val Ser Leu Gly Met Gly Thr Asn 245 250 255		
Ala Ala Tyr Ile Glu Gln Ala Gln Glu Ile Ser Arg Trp Lys Ser Ala 260 265 270		
Ile Arg Glu Pro Gln Glu Ile Val Val Ser Thr Glu Trp Gly Asp Phe 275 280 285		
Arg Ser Cys His Leu Pro Ile Thr Glu Phe Asp Ala Ser Leu Asp Ala 290 295 300		
Glu Ser Leu Asn Pro Gly His Arg Ile Phe Glu Lys Met Val Ser Gly 305 310 315 320		
Arg Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Leu Lys Met Ser Glu 325 330 335		
Glu Ser Ala Leu Phe Gly Asp Thr Leu Pro Pro Lys Leu Thr Ile Pro 340 345 350		
Tyr Ile Leu Trp Ser Pro Asp Met Ala Ala Met His Gln Asp Ile Ser 355 360 365		

ES 2 651 244 T3

Glu Glu Arg Glu Thr Val Asn Lys Lys Leu Lys Glu Val Phe Gly Ile
370 375 380

Met Asp Ser Thr Leu Ala Ala Arg Glu Val Val Val Glu Val Cys Asp
385 390 395 400

Val Val Ala Glu Arg Ala Ala Arg Leu Ala Gly Ala Gly Ile Val Gly
405 410 415

Met Ile Lys Lys Leu Gly Arg Leu Glu Lys Lys Met Ser Ile Val Ile
420 425 430

Val Glu Gly Gly Leu Tyr Asp His Tyr Arg Val Phe Arg Asn Tyr Leu
435 440 445

His Ser Ser Val Trp Glu Met Leu Gly Asp Glu Leu Ser Asp His Val
450 455 460

Val Ile Glu His Ser His Gly Gly Ser Ala Ala Gly Ala Leu Phe Leu
465 470 475 480

Ala Ala Cys Gly Asp Gly His Gln Asp Ser Glu Ser Lys
485 490

<210> 23

<211> 1862

<212> ADN

<213> Solanum lycopersicum

<400> 23

gaattcggca ccagctttga tccgatctcc tctctgtaat ttttattatt tctccttaaa	60
aaatcacaaa tctttacttt actcatttca tttttttctc agtggaccaa ctttttgcca	120
acctcaaatt ccggcaaaat gaagaaagt acggtgggag tcgccgtggt tgggtgcagct	180
gcggtgtgtg cagtggcgggt gttaatagt aatcacccga tcgggaaatc tagtaaatgg	240
ggtcgtgcta tggctattct tcgtgaattt gaagaaaagt gtaagactca agatgcaaag	300
cttaagcaag ttgctgatgc tatgactgtt gagatgcacg ccggacttgc ttctgaaggc	360
ggcagtaagc tcaagatgct tatcacttat gtggataatc taccactgg tgatgaagct	420
ggcgtcttct atgcgttgga tcttggtgga acaaattttc gagtattgcg agtgcaattg	480
ggtggaaaag atggtggtat tattcatcaa gaatttgctg aggcacatcaat tcctccaagt	540
ttgatgggtg ggacttcaga tgaacttttt gattatattg cggtgagct tgcaaaattt	600
gttgctgcgg aagaggaaaa atttcatcaa cctcctggta agcagagaga actaggtttc	660
accttctcat tcccagtaat gcagacttca atcaactccg ggaatattat gcggtggaca	720
aaaggttct ctattgatga tgcggttgggt caagatgttg ttggagaact cacaaaagct	780

ES 2 651 244 T3

```

atgaaaagaa aaggtgtcga tatgcgtgtc tcagctctgg tgaatgatac cgttggaacg      840
ttagctggtg gtaaatatac gcaaaaggat gtagctgttg ctgttatctt aggtacaggg      900
accaatgcag cttatgtgga acgggtgcag gcaattccaa agtggcatgg tcctgtgcca      960
aaatctggtg aaatggttat caatatggaa tggggaattt ttaggtcatc ccatctgccg     1020
ttgacagagt atgatcatgc attggataat gagagtttaa atcctgggtga acagatattt     1080
gagaagatga cttctggcat gtacttggga gaaattttac gcagagttct acttagggtg     1140
gctgaagaag ctggcgtttt tggatgatgag gtccctccaa agctcaagga accatttggtg     1200
ttaaggacac ctgatatgtc tgctatgcat catgacacat cctctgatct gaaagtgggtt     1260
gggtgaaaagc tgaaggatat tttagagata tctaatacct ccttgaagac gagaaaacta     1320
gtggttgagc tgtgcaatat cgttgccaca cgtggggcaa gacttgagc tgcaggtgta     1380
ttgggcatct tgaaaaagat gggaagagat acgcctaagc agggtggttc agaaaggacg     1440
gttatagcca tggatggcgg gttgtatgag cactatacag aatacaggat gtgtttagag     1500
aactctttga aggacttgct gggagaggag ttagcaacga gcacgtttt tgtgcactcc     1560
aatgatgggt ctggcattgg tgctgctctt cttgctgcct ctcatcatt gtaccttgaa     1620
gatcaagatg cttaggagtg tgacaaaagc catatcttgc tagaggggaac tacctttaga     1680
ctcctctcta gcgttttcgg tattttctct cttttatgta ccatcaaaat gaaattaata     1740
atatctccag cagatacatt taacttttat ctctaggaga gttttcctaa gagtgccttc     1800
ataaacacac aattttcatg gataaagagt ctttttacta cctgaaaaaa aaaaaaaaaa     1860
aa                                                                 1862

```

<210> 24

<211> 498

<212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 24

```

Met Lys Lys Val Thr Val Gly Val Ala Val Val Gly Ala Ala Ala Val
1           5           10          15

```

```

Cys Ala Val Ala Val Leu Ile Val Asn His Arg Met Arg Lys Ser Ser
20           25           30

```

```

Lys Trp Gly Arg Ala Met Ala Ile Leu Arg Glu Phe Glu Glu Lys Cys
35           40           45

```

```

Lys Thr Gln Asp Ala Lys Leu Lys Gln Val Ala Asp Ala Met Thr Val
50           55           60

```

ES 2 651 244 T3

Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
 65 70 75 80
 Leu Ile Thr Tyr Val Asp Asn Leu Pro Thr Gly Asp Glu Ala Gly Val
 85 90 95
 Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val
 100 105 110
 Gln Leu Gly Gly Lys Asp Gly Gly Ile Ile His Gln Glu Phe Ala Glu
 115 120 125
 Ala Ser Ile Pro Pro Ser Leu Met Val Gly Thr Ser Asp Glu Leu Phe
 130 135 140
 Asp Tyr Ile Ala Ala Glu Leu Ala Lys Phe Val Ala Ala Glu Glu Glu
 145 150 155 160
 Lys Phe His Gln Pro Pro Gly Lys Gln Arg Glu Leu Gly Phe Thr Phe
 165 170 175
 Ser Phe Pro Val Met Gln Thr Ser Ile Asn Ser Gly Asn Ile Met Arg
 180 185 190
 Trp Thr Lys Gly Phe Ser Ile Asp Asp Ala Val Gly Gln Asp Val Val
 195 200 205
 Gly Glu Leu Thr Lys Ala Met Lys Arg Lys Gly Val Asp Met Arg Val
 210 215 220
 Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Lys Tyr
 225 230 235 240
 Thr Gln Lys Asp Val Ala Val Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
 245 250 255
 Ala Ala Tyr Val Glu Arg Val Gln Ala Ile Pro Lys Trp His Gly Pro
 260 265 270
 Val Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
 275 280 285
 Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp His Ala Leu Asp Asn
 290 295 300
 Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Met Thr Ser Gly
 305 310 315 320

ES 2 651 244 T3

Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Leu Arg Val Ala Glu
325 330 335

Glu Ala Gly Val Phe Gly Asp Glu Val Pro Pro Lys Leu Lys Glu Pro
340 345 350

Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Met Ser Ala Met His His Asp Thr Ser
355 360 365

Ser Asp Leu Lys Val Val Gly Glu Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile
370 375 380

Ser Asn Thr Ser Leu Lys Thr Arg Lys Leu Val Val Glu Leu Cys Asn
385 390 395 400

Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Val Leu Gly
405 410 415

Ile Leu Lys Lys Met Gly Arg Asp Thr Pro Lys Gln Gly Gly Ser Glu
420 425 430

Arg Thr Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Glu
435 440 445

Tyr Arg Met Cys Leu Glu Asn Ser Leu Lys Asp Leu Leu Gly Glu Glu
450 455 460

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

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Met Tyr Leu Glu Asp Gln
485 490 495

Asp Ala

<210> 25

<211> 1770

5 <212> ADN

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> característica_misc

10 <222> (1329)..(1329)

<223> n e s a, c, g, o t

<400> 25

15 cttctttttt tcaatgaatt aatcaaatac ataattcttga tctgatctca tttattcata

60

aagaaagaac attattatta ctctaataac aatccttaat taatctgtaa ttttatacga 120
 tttcggatag taaaaggatg aagaaggcga cgggtgggtgc ggtggtggtg ggtacagcgg 180
 cggcggtagc tgtggcggcg ctcgatcatgc gccaccgcat gggtaaatacg agcaaaggg 240
 cacgtgccag ggcaattctg aaggaattcg aggagaaatg tgccaccca gatgccaagc 300
 tgaagcaagt ggctgatgct atgacggtgg agatgcacgc cggactcgcc tctgaaggag 360
 gcagcaagct caagatgctt attagctatg tagacaatct ccctactggt gatgaagcag 420
 gagtctttta tgcattggat cttggtggaa cgaattttcg agtattgagg gtacagttag 480
 ggggaaaaga tgggtgggatt atgcatcaag aatttgcgga ggcataaatt cctccaaatt 540
 tgatggttag aacttcagaa gccctttttg actatattgc ggcagaactt gcaaaattcg 600
 tagatgaaga aggagaaaaa tttcatccac ctcttggtta gcagagagaa ttaggcttca 660
 ccttctcggt cccaataatg cagacttcaa tcaattctgg aactcttctc aggtggacga 720
 aaggtttctc cattgatgac acggttggca aagatgttgt tgcagaactg acaaaagcaa 780
 tgcaaaaacg agaaattgat atgaggttgt cagcgcttgt gaatgatact gttggaacat 840
 tggctggtgg tagattcacg gataaggatg tatccattgc tgtgatatta ggtactggga 900
 caaatgcwgc atatgtggaa ckgctcagg caatyccaa atggcacggt cctctgccta 960
 actctggaga aatggtgatc aatatggaat ggggtaactt taggtcctcc catcttccct 1020
 tgacacagta tgataatgct atggataccg atagttaaa tcccggtgaa cagatatttg 1080
 agaagatatg ttctggtatg tacttgggag aaattttacg cagagttcta cttagaatgg 1140
 ctaaagaagc tggcattttt ggcgaggaag ttctccaaa actcaagaat tcattcatat 1200
 tgaggacacc tgaaatgtct gctatgcatc atgacacatc ctctgatttg agagtggttg 1260
 gcgacaagtt gaaggatc ttagagatat ccaataacctc cttgaagaca aggagattag 1320
 ttgttgagnt gtgtaatat gttgcaacac gtggcgccag acttgcgga gctggtatct 1380
 tgggcattat caaaaagatg ggaaaggata caccgaggga aagtgggtcca gaaaagattg 1440
 tggtagccat ggatggcgga ttgtatgagc actatacaga atacagcaag tgcttgga 1500
 acacattggt tgaattgctt ggaaaggaaa tggcaacaag cattgtcttc aagcacgga 1560
 atgatggttc tggcattggc gctgcactcc tcgcggcctc caactctgtg tatgttgaag 1620
 acaagtgaga gtgatcaaaa tgatatttag ctagaggaaa ctccatttac cttttatatt 1680
 atgttttttc tctagccttt tcttttttgt tcttctaaca attatttcca gatttattat 1740
 tcctgggaat gccaacatat ttcttctgga 1770

<210> 26
 <211> 496
 <212> PRT
 <213> Solanum lycopersicum

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (398)..(398)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se produce de forma natural

<400> 26

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Phe
 225 230 235 240
 Thr Asp Lys Asp Val Ser Ile Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
 245 250 255
 Ala Ala Tyr Val Glu Arg Ala Gln Ala Ile Pro Lys Trp His Gly Pro
 260 265 270
 Leu Pro Asn Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
 275 280 285
 Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Gln Tyr Asp Asn Ala Met Asp Thr
 290 295 300
 Asp Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Ile Cys Ser Gly
 305 310 315 320
 Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Leu Arg Met Ala Lys
 325 330 335
 Glu Ala Gly Ile Phe Gly Glu Glu Val Pro Pro Lys Leu Lys Asn Ser
 340 345 350
 Phe Ile Leu Arg Thr Pro Glu Met Ser Ala Met His His Asp Thr Ser
 355 360 365
 Ser Asp Leu Arg Val Val Gly Asp Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile
 370 375 380
 Ser Asn Thr Ser Leu Lys Thr Arg Arg Leu Val Val Glu Xaa Cys Asn
 385 390 395 400
 Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Leu Gly
 405 410 415
 Ile Ile Lys Lys Met Gly Lys Asp Thr Pro Arg Glu Ser Gly Pro Glu
 420 425 430
 Lys Ile Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Glu
 435 440 445
 Tyr Ser Lys Cys Leu Glu Asn Thr Leu Val Glu Leu Leu Gly Lys Glu
 450 455 460
 Met Ala Thr Ser Ile Val Phe Lys His Ala Asn Asp Gly Ser Gly Ile
 465 470 475 480
 Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Val Tyr Val Glu Asp Lys
 485 490 495

- 5 <210> 27
 <211> 2166
 <212> ADN
 <213> Solanum lycopersicum

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (1897)..(1897)
 5 <223> n es a, c, g, o t

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (1902)..(1902)
 10 <223> n es a, c, g, o t

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (1947)..(1947)
 15 <223> n es a, c, g, o t

<400> 27

acatacacca aaaagtttga tttttttcaa gaaagtatgg gaaaatttgg tgtaggtgca	60
acagttgtgt gtactgctgc tgtagtatgt ggggtgacag ttttgttaat gaaacatagg	120
gtgaagaatt ctggggagtg gggaaaagtt gaagctttat tgaaagattt tgaggagaag	180
tgtgcaactc cagtggaaaa attaaagcag gtagctgatg ctatgactgt agagatgcaa	240
gctggacttg cttctgaagg tgggagtaag ctcaagatgc ttattagcta tgttgataac	300
cttcctactg gggatgaaaa aggtctgttt tatgcattgg atctaggcgg cacaaacttt	360
cgagtgatgc gtgtacagtt ggggtggaaa gaaaagcgta tagttaaaca tgaagttaaa	420
gaagtttcaa ttccacagaa tgtgatgact ggatcatcat ctgaagtgtt atttgatttt	480
attgccacgg cacttgacaga atttgtagct acagaagggtg atgattttca tcttcacct	540
ggtagacaaa gggagttagg ctttaccttc tctttccctg tgaaacaatt gtcaattgca	600
tcaggaactc ttattaaatg gacaaagggc ttctccatag aagattttgt tgggcaagat	660
gtggttgag aattagcaaa agcaatggaa agggccggcc ttgacgtgcg tgtggctgca	720
ttagtaaatg atactgttgg aacgttagcg ggaggtcggg acaataatcc tgatgtcatt	780
gctgcagtaa ttttgggtac cggaaccaat gcagcatatg ttgaacgggc tcatgcgatt	840
cccaaatggc atggtctgtt gcctaaatcc ggagaaatgg ttatcaacat ggaatggggt	900
aatttccgct catcacatct tccagtaaca gaatatgacc aaaatcttga tattgagagt	960
ttaaaccccg gtgagcagat ttatgaaaag attatttccg ggatgtatct tggagaaatt	1020

20

ES 2 651 244 T3

```

ttgcgtagag tattgtgtag aatggctgaa gaagcttcat tattcgggtga ttatgtccca 1080
tccaaactga aagttccttt cgtattgagg actccggaca tggctgctat gcatcacgac 1140
gagtcgtctg atctcaaggt tgttggaat aagctgaagg atatcttaga ggtacctaata 1200
tctaccttga aaatgaggaa aatagttgtg gagctgtgcg atattatcac ctctcgtgga 1260
gctcgtcttt ctgcagcagg aattgtgggc atcctcaaga aattgggaag agacactttt 1320
aaagacggag agaagcagag gtctgtcata gctgtggacg gtgcattgtt tgagcattac 1380
accaagttca gaaattgctt gaaggaaact atgaaagagt tactgggaga tgctgcagat 1440
agcacagtca ttgagctttc taatgatggt tcaggcgttg gagctgcact tttggctgcc 1500
tcacattccc aatacacaga tctcgaggaa tcttgatcat ggtcagagtg acacaaccaa 1560
aagtgcctgg tcaagagttc tctacgttta caatcgcccc tcttcttgct aaaggaacc 1620
cacttcttac tttcttctac gagacgattg aaatatttct tgcttccttg tgcactgtgt 1680
catgcaagag tgaactttga agtgagccat agttcaatat accaaaatga gcacatctct 1740
cttcagctaa acaccaatat gctgacctt tctactcctgg tgctcttaag aaccatcttt 1800
tatcccaagt gttaacttaa atttttccct cactagccag aaaataaagt taggatacaa 1860
ataaagttaa tctagttgcc acatttttgt gtaatcnttt cnaagattta ttggtgcaa 1920
aagttactta cggggaaaca acctctncat ctctttaagg tagggatagg attttcttac 1980
tctataccct ccctagagtc cacttatgag attacatcag atatgttggt gtatcgttgc 2040
caaaagttaa ggatttggtg aattacatcg tatatgttgt tgtatggttg ccaaaagtta 2100
tagtgctgag gtagttcaag cttgtttcta tttttctgga tttttaggaa atctctcctc 2160
cattca 2166

```

<210> 28

<211> 499

5 <212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 28

```

Met Gly Lys Leu Val Val Gly Ala Thr Val Val Cys Thr Ala Ala Val
1           5           10           15

```

```

Val Cys Gly Val Thr Val Leu Leu Met Lys His Arg Val Lys Asn Ser
20           25           30

```

```

Gly Glu Trp Gly Lys Val Glu Ala Leu Leu Lys Asp Phe Glu Glu Lys
35           40           45

```

```

Cys Ala Thr Pro Val Glu Lys Leu Lys Gln Val Ala Asp Ala Met Thr
50           55           60

```

10

ES 2 651 244 T3

Val	Glu	Met	Gln	Ala	Gly	Leu	Ala	Ser	Glu	Gly	Gly	Ser	Lys	Leu	Lys	65	70	75	80
Met	Leu	Ile	Ser	Tyr	Val	Asp	Asn	Leu	Pro	Thr	Gly	Asp	Glu	Lys	Gly	85	90	95	
Leu	Phe	Tyr	Ala	Leu	Asp	Leu	Gly	Gly	Thr	Asn	Phe	Arg	Val	Met	Arg	100	105	110	
Val	Gln	Leu	Gly	Gly	Lys	Glu	Lys	Arg	Ile	Val	Lys	His	Glu	Val	Lys	115	120	125	
Glu	Val	Ser	Ile	Pro	Gln	Asn	Val	Met	Thr	Gly	Ser	Ser	Ser	Glu	Val	130	135	140	
Leu	Phe	Asp	Phe	Ile	Ala	Thr	Ala	Leu	Ala	Glu	Phe	Val	Ala	Thr	Glu	145	150	155	160
Gly	Asp	Asp	Phe	His	Leu	Pro	Pro	Gly	Arg	Gln	Arg	Glu	Leu	Gly	Phe	165	170	175	
Thr	Phe	Ser	Phe	Pro	Val	Lys	Gln	Leu	Ser	Ile	Ala	Ser	Gly	Thr	Leu	180	185	190	
Ile	Lys	Trp	Thr	Lys	Gly	Phe	Ser	Ile	Glu	Asp	Leu	Val	Gly	Gln	Asp	195	200	205	
Val	Val	Gly	Glu	Leu	Ala	Lys	Ala	Met	Glu	Arg	Ala	Gly	Leu	Asp	Val	210	215	220	
Arg	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Asn	Asp	Thr	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Gly	225	230	235	240
Arg	Tyr	Asn	Asn	Pro	Asp	Val	Ile	Ala	Ala	Val	Ile	Leu	Gly	Thr	Gly	245	250	255	
Thr	Asn	Ala	Ala	Tyr	Val	Glu	Arg	Ala	His	Ala	Ile	Pro	Lys	Trp	His	260	265	270	
Gly	Leu	Leu	Pro	Lys	Ser	Gly	Glu	Met	Val	Ile	Asn	Met	Glu	Trp	Gly	275	280	285	
Asn	Phe	Arg	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Val	Thr	Glu	Tyr	Asp	Gln	Asn	Leu	290	295	300	
Asp	Ile	Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Gly	Glu	Gln	Ile	Tyr	Glu	Lys	Ile	Ile	305	310	315	320

ES 2 651 244 T3

Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Cys Arg Met
325 330 335

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

Val Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Met Ala Ala Met His His Asp
355 360 365

Glu Ser Ala Asp Leu Lys Val Val Gly Asn Lys Leu Lys Asp Ile Leu
370 375 380

Glu Val Pro Asn Ser Thr Leu Lys Met Arg Lys Ile Val Val Glu Leu
385 390 395 400

Cys Asp Ile Ile Thr Ser Arg Gly Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile
405 410 415

Val Gly Ile Leu Lys Lys Leu Gly Arg Asp Thr Phe Lys Asp Gly Glu
420 425 430

Lys Gln Arg Ser Val Ile Ala Val Asp Gly Ala Leu Phe Glu His Tyr
435 440 445

Thr Lys Phe Arg Asn Cys Leu Lys Glu Thr Met Lys Glu Leu Leu Gly
450 455 460

Asp Ala Ala Asp Ser Thr Val Ile Glu Leu Ser Asn Asp Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Thr Asp Leu
485 490 495

Glu Glu Ser

<210> 29

<211> 1774

<212> ADN

<213> Solanum lycopersicum

<400> 29

ggcacgagag atctcactgt tacctaaaat gtcggtcacc gttagctcgc cggccgtccg 60

atccttccat gtttcacgat cacctcataa aacgatctct aggccacgtg tcattatc 120

tgccgtccga tctactgaca gcttaggagt agcaccaatt ttgacgaagt tgcagaaaga 180

ttgtgctact cctcttcag ttttgcgcca cgtggcggat gcaatggccg atgatatgag 240

ES 2 651 244 T3

```

ggccgggctt gccgtcgacg gcggcagtg tctgaagatg atccttagtt atgtcgacac 300
tctaccaact gggaatgaga aaggcttggt ttatgcgttg gaccttggtg gtacaaatth 360
ccgggtgcta aggggtgcagc taggtggtaa agaagagcgt gtagtcgcca ctgagtttga 420
gcaagtctct ataccccaag aactgatgtt tgctacctcc gaggagcttt tctatttcat 480
agcttctgcg ctaggaaaat ttgcacaaaa ggaaggtggt aattttgagt tgcaacaggg 540
acggacaagg gaaataggat tcacgttttc ttttccggtg aaacagactt caataagaac 600
tggaatccta atcaaatgga caaaaggttt tgctgtctct ggaactgcgg gaaaagatgt 660
tgttgcttgt ctgaatgaag ccatggagag gcggggaatg gatatgcaag tgtctgccct 720
ggtcaatgac actgtgggaa cacttgccgg agcaagatac tgggatgatg atgccatggt 780
tgctgtcatt ctggggactg gaaccaatgc ttgctatgta gaacgtgtgg atgctattcc 840
taagctggca aaaaggatgt ctaagtctcc aataacgatt gtgaataccg aatggggagc 900
tttctcaaat ggccttcctt taactgagtt tgatagagaa atggatgccg agagcattaa 960
ccctggtgag cagatthttt aaaagaccat ctctggtatg taccttgggg aaattgtgag 1020
acgggtgctg gtcaaaatgg ccaaggttgg gggcttattt ggtagcagct atgttccgga 1080
gaagctagtc actccatttg tgctgaggac acctgatata tgtgccatgc agcaggatac 1140
atcaatagat ctgaagctg ttgagtctgt cctctatgat gtagctgggg taaaatccga 1200
tctaagtga aggaaaacag tcgtggacat ttgcgatact attgcaaac gagggggtcg 1260
tctagctggt gcaggaattg ttggtatatt acagaaaatg gaggaagatt ctaaaggtct 1320
catctttggt aaaagaacag ttgtagcaat ggatggaggc ttatatgagc actatcctca 1380
gtacagagga tacctccaag aagctgtcac agagctacta ggctcgaaa tttcgaaaaa 1440
tgtagtgata gaacattcaa aagatggatc tggatttga gctgcattat tagctgctgc 1500
aaattcaaag tatgaacatg atgattaagg gaaaagctaa atttcatgtg ttcaaagggt 1560
tgcttgagga aaaatacatg agcatttgta atttagaatg ttctaaagaa ggattgatga 1620
ttggatttat agaggctctt gtttgtgatg ccattttttg tactccatt aatgaagtac 1680
gaagaagtga ggatttatat agccaacccc aatttatttg gaatcgaggc gtagttgtaa 1740
ttgtattata tgcagcactg acttatttat gtga 1774

```

<210> 30

<211> 499

5 <212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 30

Met Ser Val Thr Val Ser Ser Pro Ala Val Arg Ser Phe His Val Ser
1 5 10 15

10

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

260	265	270
Leu Ala Lys Arg Met Ser Lys Ser Pro Ile Thr Ile Val Asn Thr Glu		
275	280	285
Trp Gly Ala Phe Ser Asn Gly Leu Pro Leu Thr Glu Phe Asp Arg Glu		
290	295	300
Met Asp Ala Glu Ser Ile Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Thr		
305	310	315
Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Val Lys		
	325	330
Met Ala Lys Val Gly Gly Leu Phe Gly Ser Ser Tyr Val Pro Glu Lys		
	340	345
Leu Val Thr Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Ile Cys Ala Met Gln		
	355	360
Gln Asp Thr Ser Ile Asp Leu Glu Ala Val Glu Ser Val Leu Tyr Asp		
	370	375
Val Ala Gly Val Lys Ser Asp Leu Ser Ala Arg Lys Thr Val Val Asp		
385	390	395
Ile Cys Asp Thr Ile Ala Lys Arg Gly Gly Arg Leu Ala Gly Ala Gly		
	405	410
Ile Val Gly Ile Leu Gln Lys Met Glu Glu Asp Ser Lys Gly Leu Ile		
	420	425
Phe Gly Lys Arg Thr Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His		
	435	440
Tyr Pro Gln Tyr Arg Gly Tyr Leu Gln Glu Ala Val Thr Glu Leu Leu		
	450	455
Gly Ser Glu Ile Ser Lys Asn Val Val Ile Glu His Ser Lys Asp Gly		
465	470	475
Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ala Asn Ser Lys Tyr Glu		
	485	490

His Asp Asp

<210> 31

<211> 1793

<212> ADN

<213> Solanum chacoense

<400> 31

```

aatcccaatt ccccttctct atcatttttt ccttaatcgg atagtaagga tgaagaaggc      60
gacggtggct gcggtggtgg taggtacagc ggcggcggta gctgtggcgg cgctcatcat      120
gcgccaccgc atgggtaaat cgagcaaatg ggcacgtgcc agggcaattc tgaaggaatt      180
cgaggagaaa tgtgccaccc cagatggcaa gctgaagcaa gtggctgatg ccatgacggc      240
ggagatgcac gccggactcg cctctgaagg cggcagcaag ctcaagatgc ttattagcta      300
tgtcgataat ctccctactg gcgatgaagg aggagtcttt tatgcattgg atcttgggtg      360
aaciaatttt cgagtattgc gggtgcaatt ggggggaaaa gatggtggca ttatccatca      420
agaatttgcg gaggcacaa ttccctcaaa tttgatggtt ggaacttcag aagcactttt      480
tgactatatt gcggcagaac ttgcaaaatt cgtagctgaa gaaggagaag agtttcatcc      540
acctcctggt aggcagagag aattaggctt caccttctcg ttccaataa tgcagacttc      600
aatcaattct ggaactctta tcaggtggac gaaaggtttc tccattgatg acacggttgg      660
caaagatggt gttgcagaac tgacaaaagc aatgcaaaaa cgagaaattg atatgagggc      720
ctcagcgctt gtgaatgata ctggtggaac attggctggt ggtagattca ccaataagga      780
tgtatccatt gctgtgatat taggtactgg gaccaatgca gcatatgtgg aacgggctca      840
ggcaattccc aaatggcacg gtcctctgcc taaatctgga gaaatggtga tcaatatgga      900
atggggtaac tttaggtcct ccacacttcc cttgacagag tacgatcatg ctatggatac      960
cgatagttta aatcctggtg aacagatatt tgagaagata tgttctggca tgtacttggg     1020
agaaatttta cgcagagttc tacttagaat ggctgaagaa gctggcattt ttggcgagga     1080
agttcctcca aaactcaaga attcattcat attgaggaca cctgaaatgt ctgctatgca     1140
tcatgacaca tcctctgatt tgagagtggc tggcgacaag ttgaaggata tcttagagat     1200
atccaatacc tccttgaaga caaggagatt agttgttgag ctgtgtaata ttgttgcaac     1260
acgtggcgcc agacttgcgg cagctgggat cttgggcatt atcaaaaaga tgggaaagga     1320
tacaccaggg gaaagtggc cagaaaagat tgcgtagcc atggatggcg gattgtatga     1380
acattataca gaatacagta agtgcttggg gaacactttg gttgaattac ttggaaagga     1440
aatggccaca agtattgttt tcaagcacgc gaatgatggt tctggcattg gcgctgcaat     1500
ccttgcggcc tctaactccg tgtatgttga agacaagtga gagtgatcaa aatgatattt     1560
agctagagga aactccattt accttttata ttatgttttt tctctggcct tttctttttg     1620
gattctctct ctcccttttg gttcttctta caattatttc cagaattttc cagcacttgt     1680
acttggtttt ctaggatatt attcctggga atgccaacat atttcttctg gaaaagggtg     1740
caaagaaatt atatgaaact cagcattgct tattcaaaaa aaaaaaaaaa aaa           1793

```

5 <210> 32
 <211> 496
 <212> PRT
 <213> Solanum chacoense

10 <400> 32

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Ala Glu Leu Thr Lys Ala Met Gln Lys Arg Glu Ile Asp Met Arg Val
210 215 220

Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Phe
225 230 235 240

Thr Asn Lys Asp Val Ser Ile Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
245 250 255

Ala Ala Tyr Val Glu Arg Ala Gln Ala Ile Pro Lys Trp His Gly Pro
260 265 270

Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
275 280 285

Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp His Ala Met Asp Thr
290 295 300

Asp Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Ile Cys Ser Gly
305 310 315 320

Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Leu Arg Met Ala Glu
325 330 335

Glu Ala Gly Ile Phe Gly Glu Glu Val Pro Pro Lys Leu Lys Asn Ser
340 345 350

Phe Ile Leu Arg Thr Pro Glu Met Ser Ala Met His His Asp Thr Ser
355 360 365

Ser Asp Leu Arg Val Val Gly Asp Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile
370 375 380

Ser Asn Thr Ser Leu Lys Thr Arg Arg Leu Val Val Glu Leu Cys Asn
385 390 395 400

Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Leu Gly
405 410 415

Ile Ile Lys Lys Met Gly Lys Asp Thr Pro Arg Glu Ser Gly Pro Glu
420 425 430

Lys Ile Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Glu
435 440 445

Tyr Ser Lys Cys Leu Glu Asn Thr Leu Val Glu Leu Leu Gly Lys Glu
450 455 460

Met Ala Thr Ser Ile Val Phe Lys His Ala Asn Asp Gly Ser Gly Ile
465 470 475 480

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Val Tyr Val Glu Asp Lys
485 490 495

5 <210> 33
<211> 1619
<212> ADN

<213> Solanum tuberosum

<400> 33

taaattccgg caaaaaaat gaagaaagt acggtgggag ccgccgtggt tgggtgcagct	60
gcggtgtgtg cagtgggcggc gttaatagt aaccaccgga tgcggaaatc tagtaaatgg	120
ggtcgtgcta tggctattct tcgtgaattt gaggaaaagt gtaagactca agatgcaaag	180
cttaagcaag ttgctgatgc tatgactgtt gagatgcacg ccggacttgc ttctgaaggc	240
ggccagagct caagatgctt atcacctatg tcgataatct cccaactggt gatgaagctg	300
ggcgtctttt atgcattgga tcttggtgga acaaattttc gagtattgcg agtgcaattg	360
ggtggaagaa atggtggtat tattcatcaa gaatttgctg aggcataaat tcctccaagt	420
ttgatggttg ggacttcaga tgcacttttt gattatattg cggctgagct tgctaaattt	480
gttgctgcgg aagaggaaaa atttcatcaa cctcctggta agcagagaga actaggtttt	540
caccttctca ttcccagtaa tgcagacttc aataactctg ggactattat gcggtggaca	600
aaagccttct caattgatga tgcggttggc caagatgttg ttggagaact cacaaaagct	660
atgaaagaaa aggtgctcga tatgcgggtc tcagctctgg tgaatgatac tgttggaaca	720
ttagctggtg gtaaataata gcaaaaggat gtagctgttg ctgttatctt aggtacaggg	780
acgaatgcag cttatgtgga gcgggtgcag gcaattccaa agtggcatgg tcctgtgcca	840
aaatctggtg aaatggttat caatatgaa tgggtaatt ttaggtcatc ccatctgccg	900
ttgacagagt atgatcatgc gttggataac gagagtttaa atcctgctga acagatattt	960
gagaagatga cttctggcat gtacttggga gaaattttac gcagagttct cactaggggtg	1020
gctgaagaag tcctggcggt tttggcgatg aggtccctcc aaagcctcaa ggattcattt	1080
gtgttaagga cacctgatat gtctgctatg catcatgaca catcccctga tctgaaagtg	1140
gttggtgaaa agctgaagga tatttttagag atatctaata cctccttgaa gacaaggaaa	1200
ttagtgttga gcctgtgcaa tatcgttgca acacgtgggg caagacttga cgctgcaggg	1260
gtattgggca tcttgaaaaa gatgggaaga gatacgcta agcaggggtg ttcagaaagg	1320
acggttatag ccatggatgg cgggttgat gagcactata cagaatatag aatgtgttta	1380
5 gagaactctt tgaaggactt gtcggagag gaattggcaa cgagcatcgt ttttgtgcac	1440
tccaatgatg gttctggcat tgggtgctgt cttcttcgtg cctctcattc aatgtacctt	1500
gaagatcaag cttaggcgag tgtgatcaaa tccataactt gctagagggg actaccttta	1560
gactctatat tttgctctca agcggtttcg gtattttctc tcctttattg taccatcaa	1619

<210> 34

<211> 498

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 34

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

195					200					205					
Gly	Glu	Leu	Thr	Lys	Ala	Met	Lys	Glu	Lys	Val	Leu	Asp	Met	Arg	Val
210					215					220					
Ser	Ala	Leu	Val	Asn	Asp	Thr	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Gly	Lys	Tyr
225				230						235				240	
Thr	Gln	Lys	Asp	Val	Ala	Val	Ala	Val	Ile	Leu	Gly	Thr	Gly	Thr	Asn
			245						250					255	
Ala	Ala	Tyr	Val	Glu	Arg	Val	Gln	Ala	Ile	Pro	Lys	Trp	His	Gly	Pro
		260						265					270		
Val	Pro	Lys	Ser	Gly	Glu	Met	Val	Ile	Asn	Met	Glu	Trp	Gly	Asn	Phe
		275					280					285			
Arg	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Leu	Thr	Glu	Tyr	Asp	His	Ala	Leu	Asp	Asn
	290						295				300				
Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Ala	Glu	Gln	Ile	Phe	Glu	Lys	Met	Thr	Ser	Gly
305				310						315					320
Met	Tyr	Leu	Gly	Glu	Ile	Leu	Arg	Arg	Val	Leu	Thr	Arg	Val	Ala	Glu
			325						330					335	
Glu	Val	Leu	Ala	Phe	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Gln	Ser	Leu	Lys	Asp
		340						345					350		
Ser	Phe	Val	Leu	Arg	Thr	Pro	Asp	Met	Ser	Ala	Met	His	His	Asp	Thr
	355						360					365			
Ser	Pro	Asp	Leu	Lys	Val	Val	Gly	Glu	Lys	Leu	Lys	Asp	Ile	Leu	Glu
	370						375					380			
Ile	Ser	Asn	Thr	Ser	Leu	Lys	Thr	Arg	Lys	Leu	Val	Leu	Ser	Leu	Cys
385				390						395					400
Asn	Ile	Val	Ala	Thr	Arg	Gly	Ala	Arg	Leu	Asp	Ala	Ala	Gly	Val	Leu
			405						410					415	
Gly	Ile	Leu	Lys	Lys	Met	Gly	Arg	Asp	Thr	Pro	Lys	Gln	Gly	Gly	Ser
		420						425					430		
Glu	Arg	Thr	Val	Ile	Ala	Met	Asp	Gly	Gly	Leu	Tyr	Glu	His	Tyr	Thr
	435						440					445			

ES 2 651 244 T3

Glu Tyr Arg Met Cys Leu Glu Asn Ser Leu Lys Asp Leu Leu Gly Glu
450 455 460

Glu Leu Ala Thr Ser Ile Val Phe Val His Ser Asn Asp Gly Ser Gly
465 470 475 480

Ile Gly Ala Ala Leu Leu Arg Ala Ser His Ser Met Tyr Leu Glu Asp
485 490 495

Gln Ala

<210> 35

<211> 1874

<212> ADN

<213> Solanum tuberosum

<400> 35

ttcggcacga gatcaatccc aattccccctt ctctatcatt ttttccttaa tcggatagta	60
aggatgaaga aggcgacggt ggggtgcggtg gtcgtaggta cagcggcggc ggtagctgtg	120
gcggcgctca tcatgcgccca ccgcatgggt aaatcgagca aatgggcacg tgccagggca	180
attctgaagg aattcgagga gaaatgtgcc accccagatg gcaagctgaa gcaagtggct	240
gatgccatga cggtaggat gcacgccgga ctgcctctg aaggcggcag caagctcaag	300
atgcttatta gctatgtcga taatctccct actggcgatg aaggaggagt cttttatgca	360
ttggatcttg gtggaacaaa ttttcgagta ttgcgggtgc aattgggggg aaaagatggg	420
ggcattatcc atcaagaatt tgccgaggca tcaattcctc caaatttgat ggttggaact	480
tcagaagcac tttttgacta tattgcggca gaacttgcaa aattcgtagc tgaagaagga	540
gaagagtttc atccacctcc tggtaggcag agagaattag gcttcacctt ctggttccca	600
ataatgcaaa cttcaatcaa ttctggaact cttatcaggt ggacgaaagg tttctccatt	660
gatgacacgg ttggcaaaga tggtgttgca gaactgacaa aagcaatgca aaaacgagaa	720
attgatatga gggctctcagc gcttgtgaat gatactgttg gaacattggc tgggtgtaga	780
ttcaccaata aggatgtatc cattgctgtg atattaggta ctgggaccaa tgcagcatat	840
gtggaacggg ctcaggcaat tcccaaatgg cacggtcctc tgcctaaatc tggagaaatg	900
gtgatcaata tggaatgggg taactttagg tcctccacc ttcccttgac agagtacgat	960
catgctatgg ataccaatag tttaaatcct ggtgaacaga tatttgagaa gatatgttct	1020
ggcatgtact tgggagaaat ttacgcaga gttctactta gaatggctga agaagctggc	1080
atTTTTggcg aggaagttcc tccaaaactc aagaattcat tcatattgag gacacctgaa	1140
atgtctgcta tgcacatga cacatcctct gatttgagag tgggtggcga caagttgaag	1200
gatatcttag agatctccaa ttctcctctg aagacaagga gattagtgtg tgagctgtgt	1260

ES 2 651 244 T3

```

aatattgttg caacacgtgg cgccagactt gcagcagctg ggatcttggg cattatcaaa 1320
aagatgggaa aggatacacc cagggaaaagt ggtccagaaa agattgtcgt agccatggat 1380
ggcggattgt atgaacatta tacagaatac agtaagtgtt tggagaacac tttggttgaa 1440
ttgcttggaa aggaaatggc cacaagtatt gttttcaagc acgcgaatga tggttctggc 1500
attggcgctg cactccttgc ggcctctaac tccgtgtatg ttgaagacaa gtgagagtga 1560
tcaaaatgat atttagctag aggaaactcc atttaccttc tatattatgt tttttctcta 1620
gccttttctt tttggattct ctctcctttt tggttcttct tacaattatt tccagaattt 1680
tccagtactt gtacttgggt ttctaggata ttattcctgg gaatgccaac atatttcttc 1740
tggaaaaggg tgcaaagaaa atatatatga aacgcagcac tgcttattct cccctttggt 1800
ctttagtttc caactgcaat taaattttgt aggggtgaat aaaatggtgt acttttcaaa 1860
aaaaaaaaaaaa 1874

```

<210> 36
 <211> 496
 <212> PRT
 <213> Solanum tuberosum

<400> 36

```

Met Lys Lys Ala Thr Val Gly Ala Val Val Val Gly Thr Ala Ala Ala
1          5          10          15

Val Ala Val Ala Ala Leu Ile Met Arg His Arg Met Gly Lys Ser Ser
          20          25          30

Lys Trp Ala Arg Ala Arg Ala Ile Leu Lys Glu Phe Glu Glu Lys Cys
          35          40          45

Ala Thr Pro Asp Gly Lys Leu Lys Gln Val Ala Asp Ala Met Thr Val
          50          55          60

Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
65          70          75          80

Leu Ile Ser Tyr Val Asp Asn Leu Pro Thr Gly Asp Glu Gly Gly Val
          85          90          95

Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val
          100          105          110

Gln Leu Gly Gly Lys Asp Gly Gly Ile Ile His Gln Glu Phe Ala Glu
          115          120          125

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Ser Asn Ser Ser Leu Lys Thr Arg Arg Leu Val Val Glu Leu Cys Asn
385 390 395 400

Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Leu Gly
405 410 415

Ile Ile Lys Lys Met Gly Lys Asp Thr Pro Arg Glu Ser Gly Pro Glu
420 425 430

Lys Ile Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Glu
435 440 445

Tyr Ser Lys Cys Leu Glu Asn Thr Leu Val Glu Leu Leu Gly Lys Glu
450 455 460

Met Ala Thr Ser Ile Val Phe Lys His Ala Asn Asp Gly Ser Gly Ile
465 470 475 480

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Val Tyr Val Glu Asp Lys
485 490 495

<210> 37
<211> 2300
<212> ADN
<213> Nicotiana tabacum

<400> 37

gtgaattgct acattattac ggcaactatg aatatgaaag taaggaacag tcggtagtta	60
gctaaccata ccttccaacg caacaataac ggcgtacaac agtagtatag taatattcat	120
cgtttaaatc cttacatata tttcatcatt aatttattca aatctaactg ttcgcttacc	180
atcattacga tataaaaaag aaaatttata tagtggttaa gattcacaaac tgtataaaact	240
ctctgtttca gcatcaccat ttattgtctc ttcttttttt ctccgtcaca cggttcctttt	300
gatctcactg ttaattatgt cggtcaccgt tagctcgccg gccggccgat ccttccatat	360
ttcacgatca ccttacaaaa agatctccaa gccacgtgtc attatcgctg ccgtccgatc	420
tggtgttagt ttagcggtag caccaatatt gactaagttg cagaaagact gtgcaactcc	480
acttcctggt ttgcgccacg tggctgatgc catggccggt gatatgcggg ctggacttgc	540
cgtcgatggt ggcagtgatc tgaagatgat ccttagttat attgacactt taccaactgg	600
gaatgagaaa ggtttgttct atgcattgga ccttggtggt acaaatttcc gagtgtaaag	660
agtgcagtta ggtggtaaag aagagcgcgt aatcgccact gagtttgagc aagtctctat	720
acctcaagaa ttgatgtttg caacctctga ggagttgttc gatttcatag cttctgagct	780
aggaaaattt tcacaaagtg aaggcggtaa gtttgagatg caacaaggaa ggactagaga	840

ES 2 651 244 T3

```

aataggattc acatthttctt tcccagtgaa gcagacttca gttaaatctg gcatcctaatt 900
caagtggaca aaaggtttttg cagtctctgg aactgcagga aaagatgtgg ttgcttggtt 960
aaatgaagcc atggaaaggc agggattggg aatgcaagtc tcggccctgg tcaatgacac 1020
tgtagcaaca ctgctggag cgagatactg ggacaatgat gtcattggtt ctgtcattct 1080
tgggactgga accaatgctt gctacgtaga acgtgtggat gctattccta aactgccaca 1140
aaggatgtcc aactctccag aaacaattgt gaatactgaa tggggagcat tttcaaatgg 1200
ccttccttta actgagtttg atagagaaat ggatgccgag agcattaacc ctggtgagca 1260
gatttttgag aaaacaatct ctggtatgta ccttgagaa attgtaagac ggggtgctgt 1320
caaaaaggcc aaggttggcg gcttatttgg cgggtggctat gttccagaaa agttagtcat 1380
tccatttgtg ctgaggacac cggatatatg tgcaatgcag caggatacat ccagagatct 1440
tgaagctgtt gagtctgtcc tctatgatat agctggggtt aaatctgatc taagtgaag 1500
gaaaacagtc gtagacattt gcgatactat tgcaaatcga ggggggcgtc tagctggtgc 1560
aggaattgtt gggattctcc agaaaatgga agaggattca aaaggcgtaa tcttcggtaa 1620
gagaacagtt gtagcaatgg atggaggttt atatgagcac tatcctcagt acagagaata 1680
cctccaagaa gctgtcacag aacttcttgg atcagaaatt tctaaaaatg tagtgataga 1740
gcattcaaaa gatggatctg gaattggagc tgcattatta gctgctgcaa actcaaagta 1800
tgaacatgat tattaggaaa atggtaattt tcatgtctaa aaatgctggt agagcatttg 1860
taattttgtt tttgcaattt agaattgtatt aagaaggatt gatcattgga tttctcattc 1920
tttaagggtt cgtttgttac gagggataag agataattac atccgggatt aaatttgaga 1980
taagtttatt ccacgttttg ttgggataaa atcgcgggtat aactaatccc gggattagtt 2040
attccgggat tgtagtggtt tttttatccc tatgagatgg tgggataact aatcctaaga 2100
taattaattc tgggataatc tggttcccaa ccaaacgac cttagaagt ggcttggtgt 2160
attttatgcc atttttgtat taccataatg cagcagtgaa gtatttatgt gctaaaagca 2220
gatgtatcag taaatataga atatcttggt tgcttataaa ttgttaaata agcatatttc 2280
tgtggtatth gagggggccg 2300

```

<210> 38

<211> 499

5 <212> PRT

<213> Nicotiana tabacum

<400> 38

```

Met Ser Val Thr Val Ser Ser Pro Ala Gly Arg Ser Phe His Ile Ser
1          5          10          15

```

10 Arg Ser Pro Tyr Lys Lys Ile Ser Lys Pro Arg Val Ile Ile Ala Ala

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Leu Pro Gln Arg Met Ser Asn Ser Pro Glu Thr Ile Val Asn Thr Glu
275 280 285

Trp Gly Ala Phe Ser Asn Gly Leu Pro Leu Thr Glu Phe Asp Arg Glu
290 295 300

Met Asp Ala Glu Ser Ile Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Thr
305 310 315 320

Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Val Lys
325 330 335

Met Ala Lys Val Gly Gly Leu Phe Gly Gly Gly Tyr Val Pro Glu Lys
340 345 350

Leu Val Thr Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Ile Cys Ala Met Gln
355 360 365

Gln Asp Thr Ser Arg Asp Leu Glu Ala Val Glu Ser Val Leu Tyr Asp
370 375 380

Ile Ala Gly Val Lys Ser Asp Leu Ser Ala Arg Lys Thr Val Val Asp
385 390 395 400

Ile Cys Asp Thr Ile Ala Asn Arg Gly Gly Arg Leu Ala Gly Ala Gly
405 410 415

Ile Val Gly Ile Leu Gln Lys Met Glu Glu Asp Ser Lys Gly Val Ile
420 425 430

Phe Gly Lys Arg Thr Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His
435 440 445

Tyr Pro Gln Tyr Arg Glu Tyr Leu Gln Glu Ala Val Thr Glu Leu Leu
450 455 460

Gly Ser Glu Ile Ser Lys Asn Val Val Ile Glu His Ser Lys Asp Gly
465 470 475 480

Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ala Asn Ser Lys Tyr Glu
485 490 495

His Asp Tyr

<210> 39

<211> 1494

<212> ADN

<213> Nicotiana tabacum

<400> 39

ES 2 651 244 T3

```

atgaagaaag cgacggtggg agccgccgtg gttggcgccg ctacggtatg tgctgtggcg      60
gcattgatag tgaaccaccg tatgcgcaaa tctagtaa at gggcacgtgc tatggctatt      120
cttcgtgaat ttgaggaaaa gtgtgggacc cctgatgcta agctcaagca agtcgctgat      180
gctatgaccg tcgagatgca cgctggactt gcctccgaag gtggtagcaa gctcaagatg      240
cttatcactt acgtcgataa tctccccacc ggtgatgaag ccggcgctctt ttatgcgttg      300
gatcttggtg gaacaaattht tcgagtattg cgggtgcagc ttggtggaag agatggtggt      360
attattcatc aagaatthtgc agaggcatca attcctccaa atttgatggt tgggacttca      420
gaagaacttht ttgattacat tgccgcagaa cttgcaaaat ttgtcgctga ggaagaggag      480
aaatttcaac aacctcctgg taagcagaga gaactagggt tcaccttctc attcccggta      540
atgcagactt caatcaactc tgggactatt atgagggtga caaagggtt ctccatcgat      600
gatgcggttg gccaatgtgt tgcggagaa ctcaaaaaag ctatgaaaag aaaggcggtt      660
gatatgcggg tctcagctct ggtgaatgat actgttgga cgttggtggtg tggtaaatat      720
acacacaacg acgtagctgt tgctgttatt ttaggtacag ggaccaatgc agcttatgtg      780
gaacgggtgc aggcgattcc aaagtggcat ggtcctatgc caaaatctgg tgaaatggtt      840
atcaacatgg aatggggtaa ttttaggtca tcccatcttc ccttgacaca gtatgatcat      900
gcgttgata ctaatagtht gaatcctggt gatcagatat ttgagaagat gacttctggc      960
atgtacttgg gagaaattht acgcagagtt ctactcagga tggccgaaga agctggcatt     1020
tttggatgat aggtccctcc aaagctcaag agtccatttg tattgaggac acctgatatg     1080
tctgctatgc atcatgacac atcatctgat ctgagagtgg ttggtgacaa gctgaaggat     1140
atthtagaga tatctaatac ctcatthgaag acaaggagat tagtcgthga gctgtgcaac     1200
atcgthgcaa cagcaggggc aaggcttgca gctgcagggt tattggggat cthgaagaag     1260
atgggaaggg atacgcctag gcaagggtgt ccgcagaaga tggthttagc catggatggc     1320
ggattgtatg agcactatgc agagtacagg acgtgcttag agaacacatt gaaggaattg     1380
cttgagatg aattggcgac aagcattgtt ttcgagcact ccaatgatgg ttctggcatt     1440
ggtgctgctc thcttgctgc ctctaactca atgtaccttg aagataagtc ctatg         1494

```

<210> 40
 <211> 497
 5 <212> PRT
 <213> Nicotiana tabacum

 <400> 40

10	Met	Lys	Lys	Ala	Thr	Val	Gly	Ala	Ala	Val	Val	Gly	Ala	Ala	Thr	Val
	1				5					10					15	

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

260	265	270
Met Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe		
275	280	285
Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Gln Tyr Asp His Ala Leu Asp Thr		
290	295	300
Asn Ser Leu Asn Pro Gly Asp Gln Ile Phe Glu Lys Met Thr Ser Gly		
305	310	315
Met Tyr Leu Gly Glu Ile Leu Arg Arg Val Leu Leu Arg Met Ala Glu		
325	330	335
Glu Ala Gly Ile Phe Gly Asp Glu Val Pro Pro Lys Leu Lys Ser Pro		
340	345	350
Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Met Ser Ala Met His His Asp Thr Ser		
355	360	365
Ser Asp Leu Arg Val Val Gly Asp Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile		
370	375	380
Ser Asn Thr Ser Leu Lys Thr Arg Arg Leu Val Val Glu Leu Cys Asn		
385	390	395
Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Val Leu Gly		
405	410	415
Ile Leu Lys Lys Met Gly Arg Asp Thr Pro Arg Gln Gly Gly Pro Gln		
420	425	430
Lys Met Val Val Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Ala Glu		
435	440	445
Tyr Arg Thr Cys Leu Glu Asn Thr Leu Lys Glu Leu Leu Gly Asp Glu		
450	455	460
Leu Ala Thr Ser Ile Val Phe Glu His Ser Asn Asp Gly Ser Gly Ile		
465	470	475
Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Asn Ser Met Tyr Leu Glu Asp Lys		
485	490	495

Ser

<210> 41

<211> 1497

<212> ADN

<213> Helianthus annuus

<400> 41

ES 2 651 244 T3

```

atgggtaagg tagcagtagc ggccacggtg gtctgcgccg ccgctgtgac cgcggcggcg      60
gtggttggtg tccggcacccg gatgaagaac tccggcaagt gggcaaaagc tatggagatt      120
ttgaaggagt ttgaggacaa gtgtggaact ccggtttcaa aactccggca ggttgctgac      180
gccatgacgg tggagatgca cgccggactt gcttccgacg gtggtagtaa actcaagatg      240
ttaatcagct atgttgacaa tcttcccact ggggacgaaa cggaatttt ctatgccctt      300
gatcttggtg gtacaaactt tcgtgttctt cgtgtgaaat taggcggagt aggaaacgtg      360
aaaaaagaat ttaaagaagt ttcaatccct ccgaatctca tgatcgggaa atctgaggat      420
ttatttgatt ttattgctgg agaacttgca aaattcgtgg ctactgagga tgaagatatg      480
cagattccac ctggcacgca gcgagaatta gggtttacct tttcgtttcc ggttaaacia      540
tcatcaattg cgggagggac tcttgtaaga tggacaaaag gcttcaatat cgaagatgca      600
gttggggcgg atgttgtaga agagttgaca aaagcgatgg aaagggctgg ccttgatatg      660
cgtgtttcgg ctttggtgaa tgatacagtt ggaacgtag ctggagggcg atatggtaat      720
tccgatgtca ttgctgctgt aatattaggt acaggaacta atgcagcata tgtggagcga      780
gcgaatgcaa tccctaaatg gcaaggctctt cttcctaaat caggagagat ggttataaac      840
atggaatggg gcaacttccg gtcacacat cttcctttga ccgagtatga tgaaggtctt      900
gatggtgata gcctgaaccc tggagagcag atatatgaga aactgatttc cggaatgtat      960
ttgggggaag ttgtgagacg agtcttgta aagatggcgg aagaagccga gttttttgga     1020
gatattgtgc catccaaact ccaaaagccc tttatattaa ggaccctga tatgtctgca     1080
atgcatcatg attctactcc ggatctcaaa gtggttgcaa ccaagttgaa agatatcctc     1140
gagatatcca acacttctct aaagatgaga aaagtaattg tggaagtctg tgacctgtg     1200
gcaactcgtg gtgctcgtct ctcagcggct ggaatcctag gaatcctcaa aaaaattgga     1260
aaagatactt gcaaggaagg agaagaaaac cagaaatcag taatagcaat ggacggcggg     1320
ctgtttgaac actacaccaa gttccgaaaa acaatgcaag ataccatgaa tgaattgtta     1380
ggtgaagaaa ttccaaaaaa catcattgtc gagctatcga atgacgggtc ggtctcgggt     1440
gcggctcttc ttgcagcgtc tcactcacag tatctcgaat atatagagtc cacataa      1497

```

<210> 42

<211> 498

5 <212> PRT

<213> Helianthus annuus

<400> 42

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Tyr Val Glu Arg Ala Asn Ala Ile Pro Lys Trp Gln Gly Leu Leu Pro
 260 265 270
 Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe Arg Ser
 275 280 285
 Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp Glu Gly Leu Asp Gly Asp Ser
 290 295 300
 Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Tyr Glu Lys Leu Ile Ser Gly Met Tyr
 305 310 315 320
 Leu Gly Glu Val Val Arg Arg Val Leu Leu Lys Met Ala Glu Glu Ala
 325 330 335
 Glu Phe Phe Gly Asp Ile Val Pro Ser Lys Leu Gln Lys Pro Phe Ile
 340 345 350
 Leu Arg Thr Pro Asp Met Ser Ala Met His His Asp Ser Thr Pro Asp
 355 360 365
 Leu Lys Val Val Ala Thr Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile Ser Asn
 370 375 380
 Thr Ser Leu Lys Met Arg Lys Val Ile Val Glu Val Cys Asp Leu Val
 385 390 395 400
 Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile Leu Gly Ile Leu
 405 410 415
 Lys Lys Ile Gly Lys Asp Thr Cys Lys Glu Gly Glu Glu Asn Gln Lys
 420 425 430
 Ser Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr Thr Lys Phe
 435 440 445
 Arg Lys Thr Met Gln Asp Thr Met Asn Glu Leu Leu Gly Glu Glu Ile
 450 455 460
 Ser Lys Asn Ile Ile Val Glu Leu Ser Asn Asp Gly Ser Gly Leu Gly
 465 470 475 480
 Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Leu Glu Tyr Ile Glu
 485 490 495

Ser Thr

<210> 43

<211> 1854

<212> ADN

<213> Populus trichocarpa

<400> 43

ES 2 651 244 T3

atggggaagg tggcagtagg agcggcggtt gtttgcgcgg cgacagtgtg tgcggcgcg 60
gcgttggtgg tgaggcacag gatgagatgt tcagggaggt gggccagggc tatggcgata 120
ctaagagagt ttgaggaaaa ttgtgggacc cctattggga agttaagaca ggtggctgat 180
gctatgaccg ttgagatgca tgccggcctt gcatctgagg gtggtagtaa gctcaagatg 240
ttaatcagct atgtagataa tcttcctcc ggagaagaga atgggttgtt ctatgcattg 300
gaccttggcg gaacaaattt tcgagttata cgggtactgc tcggtgggag ggatggaggt 360
gttgtcaaac aagagtttga ggaagtttca attcctccac acttgatgac tggatcttca 420
gatgcactat ttggtttcat tgctacagcg cttgccaat ttgttgccac agaaagtga 480
ggtctgcatt gtccacctgg gagacaaagg gagctcgggt ttaccttctc atttccagtt 540
aggcaaacat caatagcatc tggaaatctt ataaaatgga caaaaggatt ctccatagat 600
gatgtggttg gagaagatgt ggtgggagaa ttaaccaaag ccatggaaag aattggactt 660
gacatgcgcg tgtcagcttt ggtcaatgat acaattggaa cattagctgg aggtcgatac 720
cacaaccag atgtaattgc tgctgtaata ttgggtactg gaacaaatgc agcatatgta 780
gagcgagcac aagcaattcc taagtggcat ggtcttctac ccaaactctg agaaatgggt 840
atcaacatgg aatggggtaa tttccggtct tcgcacctc cactaacaga atatgatcaa 900
gacttgatg ttgagtcttt gaatcctggc gaacagattt ttgaaaagat tatttctggt 960
atgtatttgg gagaaattgt acgcagagtt ctactgaaaa tggctgaaga ggctgccttt 1020
tttgggtgata ttgttccaca aaaactgaag attccattca tcttaaggac gcctcacatg 1080
tctgcaatgc accatgatga atcttcagat ctgagagttg ttggaagcaa actaaaagat 1140
attttagaga tacctcatac ctgcgtgaaa atgaggaaag ctattgttga actatgtgac 1200
attgttgcca ctcggtggtc ccgcctatct gctgctggga ttgtaggcat catcaagaaa 1260
ttgggtagag aactgtaaa ggatggtgaa aagcagaagt ctgtgatagc aatggatggt 1320
gggttgatg agcactactc taaatttagt acctgcatgg aaagcactct caaggagtta 1380
ctgggagaag aagtttctga caacattgtc gttgagcagt ctaatgatgg ctcaggcatt 1440
ggagctgctc tcctagcagc ctgcgattcc caatacctgg aggtcgaaga atcttgatga 1500
taaccatta cattaagtag tgttacattt ttgtttttt tatattatct atccctctac 1560
actcgacttc aaatcatctg gagcttttca acctagtctt tatgacgatg ccagcgaaat 1620
ccatattttg tggtagtaag ttgagcagta gatcaaatac tcttttgaaa agtgccatta 1680
gtggtcccaa gcttcagtgt gggagtctgt cactgctc ctctttactt ttctcagtca 1740
tttcatgaa ttacacaata aagtggggga tgtaaaacaa ttatttgagt tgttacattt 1800
gacggaatat ttttctatg gttccgatgg aaaataaagt gaatttttat gatc 1854

5 <210> 44
<211> 498
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

10 <400> 44

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Trp Thr Lys Gly Phe Ser Ile Asp Asp Val Val Gly Glu Asp Val Val
 195 200 205
 Gly Glu Leu Thr Lys Ala Met Glu Arg Ile Gly Leu Asp Met Arg Val
 210 215 220
 Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr Ile Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr
 225 230 235 240
 His Asn Pro Asp Val Ile Ala Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
 245 250 255
 Ala Ala Tyr Val Glu Arg Ala Gln Ala Ile Pro Lys Trp His Gly Leu
 260 265 270
 Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
 275 280 285
 Arg Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp Gln Asp Leu Asp Val
 290 295 300
 Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Ile Ile Ser Gly
 305 310 315 320
 Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Leu Lys Met Ala Glu
 325 330 335
 Glu Ala Ala Phe Phe Gly Asp Ile Val Pro Gln Lys Leu Lys Ile Pro
 340 345 350
 Phe Ile Leu Arg Thr Pro His Met Ser Ala Met His His Asp Glu Ser
 355 360 365
 Ser Asp Leu Arg Val Val Gly Ser Lys Leu Lys Asp Ile Leu Glu Ile
 370 375 380
 Pro His Thr Ser Leu Lys Met Arg Lys Ala Ile Val Glu Leu Cys Asp
 385 390 395 400
 Ile Val Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile Val Gly
 405 410 415
 Ile Ile Lys Lys Leu Gly Arg Asp Thr Val Lys Asp Gly Glu Lys Gln
 420 425 430
 Lys Ser Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Ser Lys
 435 440 445

ES 2 651 244 T3

Phe Ser Thr Cys Met Glu Ser Thr Leu Lys Glu Leu Leu Gly Glu Glu
450 455 460

Val Ser Asp Asn Ile Val Val Glu Gln Ser Asn Asp Gly Ser Gly Ile
465 470 475 480

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Leu Glu Val Glu
485 490 495

Glu Ser

<210> 45

<211> 1971

<212> ADN

<213> Spinacia oleracea

<400> 45

acgagcctta attagaccac ctcaaggcaa agctccgatt aaaccggtcc ctccaaaaaa	60
aaaactcatc tgaattttcc ccaatcaaat tctcccgat ctactccttc tctcccttct	120
ttctctctct agattgcatc ttgtaaagaa agaaagaaac caaaatttcc caacatgcca	180
aattaatcca tcttctttcc attggtgtaa ttagagagag aaaatcaaat tgaagagcac	240
ccatctgatt ttttttagtg gacgttacat agagagaaaa tgaggaaggc agcggtcgga	300
gcagcgggtg tatgtacagc ggcggtgtgt gcgcggcag cgggtgttgt aagacagagg	360
atgaagagct caagcaagtg gggtcgtgta atggcaatac tgaaggagt agatgacaat	420
tgtgggaccc ctttgggtaa gcttagacag gtggctgatg ctatgaccgt tgagatgcac	480
gctggtcttg catctgaggg tgcttctaag ctcaagatgc tcatcagcta cgttgacaat	540
ctccccactg gggacgagca tggactgttc tatgcgttag accttggcgg caccaacttc	600
cgagtgcctc gagtaaagtt ggggtggcaa gaaaaacgtg ttgtcgaaca agaatttgac	660
gaagtatcaa ttccacctga gttgatggtt ggtacatcag aacaactgtt tgattatatac	720
gccgaagccc tagccaaatt tggtgcaacg gaaagtgaag gtcttcatcc tgaaccaat	780
aaacagagag agctgggatt taccttctct ttccctgtca agcagacatc aatcgcatca	840
gggactctta taagatggac caagggtttt aatatagaag atacagttgg tgaagatgtg	900
gtggctgaat tgaccaaggc catgctaaga aaaggtgtag atatgctgtg gacagctttg	960
gtcaacgata cagttggaac cctagctgga ggtaggtact ataaagaaga tgtaattgct	1020
gctgttatat tgggtactgg aacaaacgca gcttacgttg aacgtgctag tgcaattcac	1080
aagtggcatg gtcctttgcc caaatcaggg gagatggtaa ttaacatgga gtggggtaat	1140
ttccgttcat cgtatttacc tttgactgaa tatgacatag cactagatga agaaagtttg	1200

ES 2 651 244 T3

```

aatcctggtg aacagatatt tgagaaaatg atatcaggaa tgtacttggg tgagattgtg      1260
cgaagagtct tgtataggat ggcagacgag gccagccttt ttggtgatac agtcccatca      1320
aaattgaaaa ctccattcat cttaaggaca ccagacatgt ctgccatgca tcatgacaca      1380
tcacctgata ttaaagttgt tgcgagcaaa ctgaaggatg tccttgggat accaaactca      1440
tcattaaagg tgcgaaagat tatagttgac gtatgtgacg tcattgcttc acgtggggcc      1500
tgcattttctg cagccgggat cttgggtatt attaagaaac tagggagaga cacattgaag      1560
caaggtgaga accagaagtc tgtgattgca ttagatggag ggttgtttga gcactacgcc      1620
aaattccggg agtgcattga ggactctttg aaggagctcc taggcgatga agtcgctgaa      1680
actattgtaa ttgagcactc aaatgatgga tcaggcattg gtgctgctct tctagcagcg      1740
tcgcattccc agtacctcga ggaagatgaa tcttgatgac aagatcctac atcctcaatt      1800
ttgtataact ttcttcaagc tccttagatc cttagagatc atggaaattt tttctttttt      1860
ttttcttttt tctttttaga ctttgctgcc ccagtgaaga ataaattatg gccaaacggg      1920
ctctgcttgc tgcataaaaa aatggcatga agctcgctgt tctctcgtgc c              1971

```

<210> 46

<211> 498

<212> PRT

<213> Spinacia oleracea

<400> 46

```

Met Arg Lys Ala Ala Val Gly Ala Ala Val Val Cys Thr Ala Ala Val
1          5          10          15

```

```

Cys Ala Ala Ala Ala Val Leu Val Arg Gln Arg Met Lys Ser Ser Ser
          20          25          30

```

```

Lys Trp Gly Arg Val Met Ala Ile Leu Lys Glu Leu Asp Asp Asn Cys
          35          40          45

```

```

Gly Thr Pro Leu Gly Lys Leu Arg Gln Val Ala Asp Ala Met Thr Val
          50          55          60

```

```

Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Glu Gly Ala Ser Lys Leu Lys Met
          65          70          75          80

```

```

Leu Ile Ser Tyr Val Asp Asn Leu Pro Thr Gly Asp Glu His Gly Leu
          85          90          95

```

```

Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val
          100          105          110

```

ES 2 651 244 T3

Lys Leu Gly Gly Lys Glu Lys Arg Val Val Glu Gln Glu Phe Asp Glu
 115 120 125
 Val Ser Ile Pro Pro Glu Leu Met Val Gly Thr Ser Glu Gln Leu Phe
 130 135 140
 Asp Tyr Ile Ala Glu Ala Leu Ala Lys Phe Val Ala Thr Glu Ser Glu
 145 150 155 160
 Gly Leu His Pro Glu Pro Asn Lys Gln Arg Glu Leu Gly Phe Thr Phe
 165 170 175
 Ser Phe Pro Val Lys Gln Thr Ser Ile Ala Ser Gly Thr Leu Ile Arg
 180 185 190
 Trp Thr Lys Gly Phe Asn Ile Glu Asp Thr Val Gly Glu Asp Val Val
 195 200 205
 Ala Glu Leu Thr Lys Ala Met Leu Arg Lys Gly Val Asp Met Arg Val
 210 215 220
 Thr Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Lys Glu Asp Val Ile Ala Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn
 245 250 255
 Ala Ala Tyr Val Glu Arg Ala Ser Ala Ile His Lys Trp His Gly Pro
 260 265 270
 Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe
 275 280 285
 Arg Ser Ser Tyr Leu Pro Leu Thr Glu Tyr Asp Ile Ala Leu Asp Glu
 290 295 300
 Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Ile Phe Glu Lys Met Ile Ser Gly
 305 310 315 320
 Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Tyr Arg Met Ala Asp
 325 330 335
 Glu Ala Ser Leu Phe Gly Asp Thr Val Pro Ser Lys Leu Lys Thr Pro
 340 345 350
 Phe Ile Leu Arg Thr Pro Asp Met Ser Ala Met His His Asp Thr Ser
 355 360 365

ES 2 651 244 T3

Pro Asp Leu Lys Val Val Ala Ser Lys Leu Lys Asp Val Leu Gly Ile
370 375 380

Pro Asn Ser Ser Leu Lys Val Arg Lys Ile Ile Val Asp Val Cys Asp
385 390 395 400

Val Ile Ala Ser Arg Gly Ala Cys Ile Ser Ala Ala Gly Ile Leu Gly
405 410 415

Ile Ile Lys Lys Leu Gly Arg Asp Thr Leu Lys Gln Gly Glu Asn Gln
420 425 430

Lys Ser Val Ile Ala Leu Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr Ala Lys
435 440 445

Phe Arg Glu Cys Met Glu Asp Ser Leu Lys Glu Leu Leu Gly Asp Glu
450 455 460

Val Ala Glu Thr Ile Val Ile Glu His Ser Asn Asp Gly Ser Gly Ile
465 470 475 480

Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Leu Glu Glu Asp
485 490 495

Glu Ser

<210> 47

<211> 1626

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 47

ggttcaaagc ttgttcgatt cgttcgcgcg ggaccatggc ggcggcggcg gtggcggcag	60
atcagaaggt ggtgacgatg acgagcctcc gggagggctg cgcttgcgcg gcgcctcctg	120
ctgcagctgc gccgccgatg ccgaagatgg cggcggcgca gaggggtggtg gcggagctga	180
gagaagcgtg cgcgacgccg gcggcgaggc tggcggaggt ggccgcggcg atggccggcg	240
agatggaggc cgggctggcg gtggagggcg gcagcagcga gatgaagatg atcgtgtcgt	300
acgtcgacag cctccccacc ggcggcgagg aggggtcgta ctacgcgctc gacctcggcg	360
gcaccaactt ccgcgtcctc cgcgtgcggc ttgccggcgg cggcgtcgcc gagcgcgtgg	420
cgagggaggt cccgatccct cccggcctca tgtccggcgg cggcgccacc tcggagtgcc	480
tcttcggctt catcgctcc gcgctagccg agttcgtcgg cgaggaggaa gaagaaggcg	540
gcctcgacgg cggcgagagg gagcttgggt tcaccttctc cttccccgtg caccaaacct	600

ES 2 651 244 T3

```

ccatcgcgctc ggggacgctc atccggtgga cgaaggcgtt cgccgtcgac gacgcgatcg      660
gcgaggacgt  cgtggcgggc ctgcaggcgg ccatgtcgga gcgggggctc gacatgcgcg      720
tgtcggcgct  catcaacgac accgtcggga cgctcgccgc gggcagctac tacgacgagg      780
acgtcgtggc  cgccgtcatc ctcggcaccg gcacgaacgc cgctacgtc gaggacgcca      840
ccgccatcgc  caagctacac ccatcgcagc tgccagcatc gaacaccatg gtgatcaaca      900
ccgagtgggg  cagcttcgcc tcgccgtgcc tccattgac ggagttcgac gaagcactcg      960
atcaggagag  cctcaacccc ggcgagcaga cctacgagaa gtcattctcc gggatgtacc     1020
tcggcgagat  cgtcaggagg gtcctcctca agatctctc cgggtgcccc tccctcctcg     1080
gcggcgccgg  cgagctcgcg acccggttcg tcctcaggac acccgacgtg tccgcgatgc     1140
accacgacga  gacgcccgac ctgagcatcg tcggcgagaa gctggaacgc acgctgggca     1200
tccgcggcac  gtcgccggag gcgaggagga tggtcgtcga ggtgtgcgac atcgtcgcca     1260
cgagggccgc  ccggttgccc gcggcgggga tcgtcgggat cctgaagaag atcgggaggg     1320
tcgacggcgg  cgagggggcg aggaggaggt cggtggtcgc cgtggacggc gggctgttcg     1380
agcactacgg  caagttccgg cggtgcatgg agagcgcggt gagggagctg ctcggagagg     1440
cggcgcgcgga  gaggttggtc gtcaagctcg ccagcgacgg ctccgggctc ggcgccgccc     1500
tggttcgacg  tgctcactcg cagagagcat aatattgaat tgtggtgaaa tatgctgtg     1560
tttgaacaaa  gcttgaatga tttgaatatt tgatgcgatt tgcaaaacca catatgaaat     1620
agaagc                                             1626

```

<210> 48
 <211> 498
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

<400> 48

```

Met Ala Ala Ala Ala Val Ala Ala Asp Gln Lys Val Val Thr Met Thr
1           5           10          15

```

```

Ser Leu Arg Glu Gly Cys Ala Cys Ala Ala Pro Pro Ala Ala Ala Ala
20          25          30

```

```

Pro Pro Met Pro Lys Met Ala Ala Ala Gln Arg Val Val Ala Glu Leu
35          40          45

```

```

Arg Glu Ala Cys Ala Thr Pro Ala Ala Arg Leu Ala Glu Val Ala Ala
50          55          60

```

```

Ala Met Ala Gly Glu Met Glu Ala Gly Leu Ala Val Glu Gly Gly Ser
65          70          75          80

```

ES 2 651 244 T3

Ser Glu Met Lys Met Ile Val Ser Tyr Val Asp Ser Leu Pro Thr Gly
 85 90 95
 Gly Glu Glu Gly Ser Tyr Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe
 100 105 110
 Arg Val Leu Arg Val Arg Leu Ala Gly Gly Gly Val Ala Glu Arg Val
 115 120 125
 Ala Arg Glu Val Pro Ile Pro Pro Gly Leu Met Ser Gly Gly Gly Ala
 130 135 140
 Thr Ser Glu Cys Leu Phe Gly Phe Ile Ala Ser Ala Leu Ala Glu Phe
 145 150 155 160
 Val Gly Glu Glu Glu Glu Glu Gly Gly Leu Asp Gly Gly Glu Arg Glu
 165 170 175
 Leu Gly Phe Thr Phe Ser Phe Pro Val His Gln Thr Ser Ile Ala Ser
 180 185 190
 Gly Thr Leu Ile Arg Trp Thr Lys Ala Phe Ala Val Asp Asp Ala Ile
 195 200 205
 Gly Glu Asp Val Val Ala Ala Leu Gln Ala Ala Met Ser Glu Arg Gly
 210 215 220
 Leu Asp Met Arg Val Ser Ala Leu Ile Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu
 225 230 235 240
 Ala Ala Gly Ser Tyr Tyr Asp Glu Asp Val Val Ala Ala Val Ile Leu
 245 250 255
 Gly Thr Gly Thr Asn Ala Ala Tyr Val Glu Asp Ala Thr Ala Ile Ala
 260 265 270
 Lys Leu His Pro Ser Gln Leu Pro Ala Ser Asn Thr Met Val Ile Asn
 275 280 285
 Thr Glu Trp Gly Ser Phe Ala Ser Pro Cys Leu Pro Leu Thr Glu Phe
 290 295 300
 Asp Glu Ala Leu Asp Gln Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln Thr Tyr
 305 310 315 320
 Glu Lys Leu Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val
 325 330 335

ES 2 651 244 T3

Leu Leu Lys Ile Ser Ser Arg Cys Pro Ser Leu Leu Gly Gly Ala Gly
 340 345 350
 Glu Leu Ala Thr Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp Val Ser Ala Met
 355 360 365
 His His Asp Glu Thr Pro Asp Leu Ser Ile Val Gly Glu Lys Leu Glu
 370 375 380
 Arg Thr Leu Gly Ile Arg Gly Thr Ser Pro Glu Ala Arg Arg Met Val
 385 390 395 400
 Val Glu Val Cys Asp Ile Val Ala Thr Arg Ala Ala Arg Leu Ala Ala
 405 410 415
 Ala Gly Ile Val Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Val Asp Gly Gly
 420 425 430
 Glu Gly Arg Arg Arg Arg Ser Val Val Ala Val Asp Gly Gly Leu Phe
 435 440 445
 Glu His Tyr Gly Lys Phe Arg Arg Cys Met Glu Ser Ala Val Arg Glu
 450 455 460
 Leu Leu Gly Glu Ala Ala Ala Glu Arg Val Val Val Lys Leu Ala Ser
 465 470 475 480
 Asp Gly Ser Gly Leu Gly Ala Ala Leu Val Ala Ala Ala His Ser Gln
 485 490 495

Arg Ala

<210> 49

<211> 1741

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 49

atatgtacgt aagggcccca tctcgccgag gagaggctgg gcgaccgga tgaggaaggc	60
ggcggcggcg gcggtcgcg cagcggcggc ggtcggcgtg gcgctgctgg tgcgccggca	120
gctgcgggag gcgaagcggg ggggccgggc cgacgcggtg ctgcgggagc tggaggagcg	180
gtgcgcggcg ccgccggggc ggctgcggca ggtggcggac gcgatggccg tcgagatgca	240
cgccgggctc gcctccgagg gcgggagcaa actcaagatg atcatcagct acgtcgacgc	300
cctcccttcc ggggaagaga agggggtgtt ttatgcgctt gaccttgag gtacaaattt	360

ES 2 651 244 T3

```

ccgtgtttta cgggttcaat taggtggcaa ggaagggaga gttatcaagc aagaacatga 420
cgagatttca attcctccgc atctgatgac tgggtggttca aatgaactat ttgattttat 480
tgcttcttct ttagcaaaat ttgttgcttc agagggtgaa gactttcatc ttgctgaggg 540
gaggcagaga gaacttggct ttacgttctc tttcccagta aagcaaaactt caattgcatc 600
tggcactcctt attaattgga ctaagggttt ttcgattgat gaaacggttg gtgaagatgt 660
tgtgactgaa ttaaccaagc ctcttgaacg ccaggggctt gatatgaaag tcacagcatt 720
gataaatgat actatagga cattggctgg tgggagatat gatgataatg atgtcattgc 780
tgctgttata ctgggaacag gtactaatgc agcatacgtg gaacgtgcca atgcaattcc 840
taaatggcat gacctcctgc cgaagtcagg agatatggta ataaatatgg aatgggggaa 900
cttcaggtca tcccattctc ctttgactga atttgatcaa gcattagatg ctgaaagttt 960
gaatcctggg gaacagggtt acgaaaagtt gatctctggc atgtatttg gagaaattgt 1020
tcgtagagtc ctattaaaga tggctgaaga agcttctctt tttggtgatg aagtaccacc 1080
aaaactcaag attccattta ttatcaggac tccatacatg tcaatgatgc actgcgacag 1140
atcacctgat ctcagaacag ttggagcgaa actgaaagat atcctggggg tccaaaacac 1200
ctcccttaaa acaagaaggc ttgtggtgga tgtctgcgac atcgttgcca aacgcgccgc 1260
tcaccttgct gctgcaggga tacacgggat cctgaagaag cttgggcgcg acgtccccaa 1320
caccgacaag cagaggacgg tgatcgccgt cgacggtggg ctctacgagc actacaccat 1380
cttcgccgag tgcgtggaga gcacctgag ggacatgctt ggggaggatg tgtcctccac 1440
cattgtcatc aagctcgcca aggacgggtc aggcattggc gctgctctcc ttgctgcggc 1500
tcattctcaa taccgtgagg ctgaggagct ctagtggatc tcttctcttg gcagctgtta 1560
tgcttagatt gtttgattt tctgagatt ctgaaccccc aggagcaatt gcattctata 1620
gagttgcacc agcacctgc tgggtgttag aacttttagat ggaggcacca acctttagta 1680
gcttgcaagt cctgtaaact gtataaacgc agaacacagt attgtccttc caacaaattt 1740
c 1741

```

<210> 50
 <211> 494
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

<400> 50

```

Met Arg Lys Ala Ala Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Ala Val Gly
1           5           10           15

```

```

Val Ala Leu Leu Val Arg Arg Gln Leu Arg Glu Ala Lys Arg Trp Gly
          20           25           30

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

275	280	285
His Leu Pro Leu Thr Glu Phe Asp Gln Ala Leu Asp Ala Glu Ser Leu 290 295 300		
Asn Pro Gly Glu Gln Val Tyr Glu Lys Leu Ile Ser Gly Met Tyr Leu 305 310 315 320		
Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Leu Lys Met Ala Glu Glu Ala Ser 325 330 335		
Leu Phe Gly Asp Glu Val Pro Pro Lys Leu Lys Ile Pro Phe Ile Ile 340 345 350		
Arg Thr Pro Tyr Met Ser Met Met His Cys Asp Arg Ser Pro Asp Leu 355 360 365		
Arg Thr Val Gly Ala Lys Leu Lys Asp Ile Leu Gly Val Gln Asn Thr 370 375 380		
Ser Leu Lys Thr Arg Arg Leu Val Val Asp Val Cys Asp Ile Val Ala 385 390 395 400		
Lys Arg Ala Ala His Leu Ala Ala Ala Gly Ile His Gly Ile Leu Lys 405 410 415		
Lys Leu Gly Arg Asp Val Pro Asn Thr Asp Lys Gln Arg Thr Val Ile 420 425 430		
Ala Val Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Ile Phe Ala Glu Cys 435 440 445		
Val Glu Ser Thr Leu Arg Asp Met Leu Gly Glu Asp Val Ser Ser Thr 450 455 460		
Ile Val Ile Lys Leu Ala Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu 465 470 475 480		
Leu Ala Ala Ala His Ser Gln Tyr Arg Glu Ala Glu Glu Leu 485 490		

<210> 51
 <211> 1692
 <212> ADN
 <213> Oryza sativa

<400> 51

10 tgggattcgt gggtgggttt gggaggagc ggctgcgggg cgggcggggg ggatggcgtg 60

ES 2 651 244 T3

```

atcgcccgcg cgctctggag gggagggggg agggagaggg ggaggggtgg aggaggagat 120
ggggaggggtg gggctcggcg tggcgggtgg gtgcgcggcg gtgacctgcg cgatcgccgc 180
ggcgctcgtg gcgcgcaggg cgctcggcgc ggcgcgggtg cggcgggcgc tggcgctgct 240
gcgggagttc gaggaggggt gtgccacgcc gcccgcgagg ctgcgccagg tcgtggacgc 300
catggtcgtc gagatgcacg ccggcctcgc gtccgatggc ggcagcaagc tcaagatgct 360
gctcaccttc gtgcacgcgc tcccagcggg gagtgaagaa ggtgtatatt attctattga 420
tcttgaggga acaaacttca gagtcttgag ggtacaagtt ggtgcgggat ctgtgatcgt 480
caaccaaag gttgaacagc aaccatccc tgaggaactg accaaaggca ctactgaggg 540
tttattcaac tttgttgccc tggcactaaa gaattttctt gaaggagaag atgaccaaga 600
tggaataatg gcacttggtt ttacattttc tttccctgtt agacaaattt cagtgtcttc 660
agggtcatta attaggtgga caaaaggatt ttccatcaga gacacggttg gcagagatgt 720
tgctcagtgc ttaaatgaag cgcttgccaa ttgtgggcta aatgtgcggg tcaactgcatt 780
ggtgaatgat acagtgggga cattagctct agggcattac tatgatgaag acacagtggc 840
tgctgtgata attgggtctg gcaccaacgc ttgtacatt gaacgcactg atgcaattat 900
caagtgccag ggtcttctaa cgaactctgg aggcattgta gtaaactg agtgggggaa 960
tttctggtca tcacatttgc caaggacgcc atatgacatc ttgctggatg atgaaacaca 1020
caatcgcaat gatcagggtt ttgagaaaat gatatcagga atgtatcttg gggaaattgc 1080
aagattggta tttcatagaa tggcccagga atcagatgtt tttggtgatg ctgctgatag 1140
tctatccaac cttttcattt tgagcacacc gtttctggcc gcaattcgcg aggacgattc 1200
accagatctg agcgaagtca gaaggatact tcgagaacat ctgaagattc ccgatgctcc 1260
tctgaaaact cgacggctgg tcgtgaaagt ctgcgacatt gtgactcgca gagccgcccg 1320
tctagccgct gcaggcatcg tggggatact gaagaagctg gggagggatg ggagcggcgc 1380
ggcgtcgagc gggagaggta gagggcagcc gaggaggacg gtggtggcga tcgagggcgg 1440
gctgtaccag ggttaccggg tgttcaggga gtacctggac gaggccctgg tggagatcct 1500
gggggaggag gtggcgcgga acgtgacgct gagggtgacg gaggatgggt cgggggtcgg 1560
ggctgccctc ctgcgcgcg tacattcgtc gaatagacag caacaaggag gtcccatata 1620
gtgagagaga caatgaagat acagctagcc cctcttggtc aaatgtaaaa aagggacatt 1680
gtttgatatc ta 1692

```

<210> 52
 <211> 500
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

 <400> 52

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Thr Asp Ala Ile Ile Lys Cys Gln Gly Leu Leu Thr Asn Ser Gly Gly
 260 265 270
 Met Val Val Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe Trp Ser Ser His Leu Pro
 275 280 285
 Arg Thr Pro Tyr Asp Ile Leu Leu Asp Asp Glu Thr His Asn Arg Asn
 290 295 300
 Asp Gln Gly Phe Glu Lys Met Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile
 305 310 315 320
 Ala Arg Leu Val Phe His Arg Met Ala Gln Glu Ser Asp Val Phe Gly
 325 330 335
 Asp Ala Ala Asp Ser Leu Ser Asn Pro Phe Ile Leu Ser Thr Pro Phe
 340 345 350
 Leu Ala Ala Ile Arg Glu Asp Asp Ser Pro Asp Leu Ser Glu Val Arg
 355 360 365
 Arg Ile Leu Arg Glu His Leu Lys Ile Pro Asp Ala Pro Leu Lys Thr
 370 375 380
 Arg Arg Leu Val Val Lys Val Cys Asp Ile Val Thr Arg Arg Ala Ala
 385 390 395 400
 Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Val Gly Ile Leu Lys Lys Leu Gly Arg
 405 410 415
 Asp Gly Ser Gly Ala Ala Ser Ser Gly Arg Gly Arg Gly Gln Pro Arg
 420 425 430
 Arg Thr Val Val Ala Ile Glu Gly Gly Leu Tyr Gln Gly Tyr Pro Val
 435 440 445
 Phe Arg Glu Tyr Leu Asp Glu Ala Leu Val Glu Ile Leu Gly Glu Glu
 450 455 460
 Val Ala Arg Asn Val Thr Leu Arg Val Thr Glu Asp Gly Ser Gly Val
 465 470 475 480
 Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Val His Ser Ser Asn Arg Gln Gln Gln
 485 490 495
 Gly Gly Pro Ile
 500

<210> 53
 <211> 1937
 <212> ADN
 <213> Oryza sativa

<400> 53

ES 2 651 244 T3

```

tagtacgtgt agtgaggagc atttcttgcc acctttattc gattccacca cttgacacat      60
ccatcgatca ctccctcccc taccaacgat cagctcagct tcagcttctc ctcggcatgt      120
ccgccgcgcg cgcctatcgcg tcgccgatcc cggcggcgat cgcggtcgtg cagcagcaga      180
ggcgggggag gagccgcggc ggcggctccg gcgtgcccgc cgtccgctgc tccgcggtgg      240
ccccgacgtc cgcgatcgcg cccatccttg ccgacctgag gctgcggtgc gccgccccgc      300
tccccgtgct gcggcgcgctg gcggacgcca tggcctccgg gatgcgcgcc gggctggcgg      360
acgacggcgc cggcgagctc aagatgatcc ccagccacgt ctactactc cccactggga      420
atgaaacagg actgttttat gctctggacc ttggaggcac caactttaga gtgctgaggg      480
tacaattggg aggaaaagat aagcgcatta tagataccga gtttgagcaa gtctcgatcc      540
caagagaaat catgcatggt ataaccgagg atttgtttga tttcatcgcg agtggcctgt      600
cgagatttgt agcaacggag ggtgataagt ttcatttgcc acaagggaga aagagagagt      660
taggcttcac attctccttt ccggtgaatc agacttctat tgattctggc attctgatca      720
agtggacaaa aggttttgct gtctctggaa ctgctgggaa agatgttgtt gcttgtctga      780
atgctgcaat ggagaggcaa ggccttgata tgcgtgtctc tgccttggtg aatgatactg      840
tggaacctt agctggagca cgttattggg acgatgacgt aatggtcgcg gtgattttgg      900
gcactggcac caatgcatgc tacattcaac gaactgaagc tattccaaaa ttgcaacacc      960
ttaagcttga aacaggaaac acgattatta aactgagtg gggagctttc tcagatggac     1020
ttccattgac tgaatttgac agagaaatgg atgatgagag cataaatcct ggtgaacaga     1080
tattcgagaa gacgatttcc gggatgtatc taggtgaaat tgtccgtagg gtgctggtca     1140
agatggctga agtatctgat ctctttggtc attccttccc caagaaactt gctgaaccat     1200
ttgttctaag gacaccacat ctatgcgcta tgcaacaaga cacctctgac aatcttgag      1260
aagttgagtc catcttgagt gatgtcatcg gcgtgtccca agcttctctg ctggcacgga     1320
gagtcactgt agaagtctcc gactgcatca tcaggagagg aggccggtg gccggggcag     1380
gaatcgtagg gatccttgag aagatggaga atgactccag agggcacatt ttcggacgaa     1440
gaacagtggc cgcgatggac ggtggtctat atgagaagta ccctcagtac aggaggtaca     1500
tgaaggaggc tgtggctgag ctactgggac ccgagcgatc gaatcgatc gccatcgagc     1560
acacgaaaga cggatcaggg atcggcgctg cgctgttggc agctgcaaac tcaaagtatg     1620
ctgctgctca aatctctaca aggtgatcgc aattgttata attgttgagt tactgggccc     1680
aattaattct ctacaagggt atctcaattg ttatcattgt tgagctactg ggacctgaac     1740
aatccaagca tatcatcata tggcggcctc ttatctgaag tatggagggg cttcatatat     1800
gctattcttc tgtactacta gtctactata ctatataacg catttgagga aaagaaacac     1860
cagaaattta tcaacttatg ttttgataaa ttcatcaact tatgtgtttg tatagttaca     1920
gttcaccaga aattcat                                     1937

```

- 5 <210> 54
- <211> 509
- <212> PRT
- <213> Oryza sativa

ES 2 651 244 T3

<400> 54

Met Ser Ala Ala Ala Ala Ile Ala Ser Pro Ile Pro Ala Ala Ile Ala
1 5 10 15

Val Val Gln Gln Gln Arg Arg Gly Arg Ser Arg Gly Gly Gly Ser Gly
20 25 30

Ala Ala Ala Val Arg Cys Ser Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ile Ala
35 40 45

Pro Ile Leu Ala Asp Leu Arg Leu Arg Cys Ala Ala Pro Leu Pro Val
50 55 60

Leu Arg Arg Val Ala Asp Ala Met Ala Ser Gly Met Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

Ala Asp Asp Gly Ala Gly Glu Leu Lys Met Ile Pro Ser His Val Tyr
85 90 95

Ser Leu Pro Thr Gly Asn Glu Thr Gly Leu Phe Tyr Ala Leu Asp Leu
100 105 110

Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val Gln Leu Gly Gly Lys Asp
115 120 125

Lys Arg Ile Ile Asp Thr Glu Phe Glu Gln Val Ser Ile Pro Arg Glu
130 135 140

Ile Met His Gly Ile Thr Glu Asp Leu Phe Asp Phe Ile Ala Ser Gly
145 150 155 160

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

ES 2 651 244 T3

Gly Arg Lys Arg Glu Leu Gly Phe Thr Phe Ser Phe Pro Val Asn Gln
 180 185 190
 Thr Ser Ile Asp Ser Gly Ile Leu Ile Lys Trp Thr Lys Gly Phe Ala
 195 200 205
 Val Ser Gly Thr Ala Gly Lys Asp Val Val Ala Cys Leu Asn Ala Ala
 210 215 220
 Met Glu Arg Gln Gly Leu Asp Met Arg Val Ser Ala Leu Val Asn Asp
 225 230 235 240
 Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Ala Arg Tyr Trp Asp Asp Asp Val Met
 245 250 255
 Val Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn Ala Cys Tyr Ile Gln Arg
 260 265 270
 Thr Glu Ala Ile Pro Lys Leu Gln His Leu Lys Leu Glu Thr Gly Asn
 275 280 285
 Thr Ile Ile Asn Thr Glu Trp Gly Ala Phe Ser Asp Gly Leu Pro Leu
 290 295 300
 Thr Glu Phe Asp Arg Glu Met Asp Asp Glu Ser Ile Asn Pro Gly Glu
 305 310 315 320
 Gln Ile Phe Glu Lys Thr Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val
 325 330 335
 Arg Arg Val Leu Val Lys Met Ala Glu Val Ser Asp Leu Phe Gly His
 340 345 350
 Ser Phe Pro Lys Lys Leu Ala Glu Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro His
 355 360 365
 Leu Cys Ala Met Gln Gln Asp Thr Ser Asp Asn Leu Gly Glu Val Glu
 370 375 380
 Ser Ile Leu Ser Asp Val Ile Gly Val Ser Gln Ala Ser Leu Leu Ala
 385 390 395 400
 Arg Arg Val Thr Val Glu Val Ser Asp Cys Ile Ile Arg Arg Gly Gly
 405 410 415
 Arg Leu Ala Gly Ala Gly Ile Val Gly Ile Leu Glu Lys Met Glu Asn
 420 425 430

ES 2 651 244 T3

Asp Ser Arg Gly His Ile Phe Gly Arg Arg Thr Val Val Ala Met Asp
435 440 445

Gly Gly Leu Tyr Glu Lys Tyr Pro Gln Tyr Arg Arg Tyr Met Lys Glu
450 455 460

Ala Val Ala Glu Leu Leu Gly Pro Glu Arg Ser Asn Arg Ile Ala Ile
465 470 475 480

Glu His Thr Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala
485 490 495

Ala Asn Ser Lys Tyr Ala Ala Ala Gln Ile Ser Thr Arg
500 505

<210> 55

<211> 2058

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 55

ctctcgtcct cctttctcct acgcggccgg agagaggagg ggggaagaga ggatctcgca	60
gagcgccata gcctcggatc cagaagcgga attcggtgga ggtctcgggc acctggatcg	120
atcggaggaa gggaaaggcg agcagcgggt atggggaagg cggcggcggt ggggacggcg	180
gtggtggtgg ccgcggcggt cggggtggcg gtggtgctgg cgcgaggcg gaggaggagg	240
gacctggagc tgggtggagg agccgcggcg gagaggaaga ggaaggtggc ggcggtgatc	300
gaggacgtgg agcacgcgt gtcgaccccg acgcgcctgc tgcggggcat ctcgacgcc	360
atggtcaccg agatggagcg aggcctgcgc ggggacagcc acgccatggt taagatgctc	420
atcacctacg tcgacaacct cccacccgga aatgaacagg ggttggttta tgcattggat	480
cttgaggaa ccaacttccg cgtcctgcga gtccaactcg gtggcaagga gaaacgtgtc	540
gtccaacaac agtacgagga agtctcaatt ccaccacatc tgatggttgg aacttccatg	600
gaactgtttg attttattgc ttctgcattg tcaaaatttg ttgatactga aggtgatgat	660
ttccacctcc cagaaggag acagagagag ctgggcttca ccttttcctt ccagtgagc	720
cagacatcaa tatcgtcagg aacgctcatc aagtggacaa agggtttctc catcaatgac	780
gcggttggcg aagatgttgt atctgagttg ggcaaggcca tggagaggca gggattagat	840
atgaaaattg cagcattggt taatgacact gtcggcacat tggctggtgg gaggtatgcg	900
gataacagtg ttgttgctgc tataatattg ggcactggta caaatgcagc atatgttgag	960
aatgctaatt caattcctaa atggaccgggt ttactgccta ggtccgaaa tatggtaatc	1020
aacacagaat gggggagctt taaatcagat aagcttctc tttcagaatt cgataaagca	1080

ES 2 651 244 T3

```

atggatTTTT aaagcTTGaa tCctggagag cagatatatg aaaagTTgat tTctggcatg      1140
tatcTTggag agatagtGcg aagaatcTTg ctgaagcTTg cTcatgatgc agcTTTgttT      1200
ggggatgTTg tTccatcTaa gctagagcaa cCgttTgtac taaggacacc ggatatgtca      1260
gccatgcacT atgactcGtc acatgaccTT aaaactgTTg gagctaagct aaaggatatc      1320
gtcggggTcc cagatactTc cctggaagta agatacatta ccagtcacat tTgtgacata      1380
gttgCagagc gtgctgcacg cttggctgct gctggcatat atggggTcct aaagaagcta      1440
ggtcgggaca agatgCcaaa agacggcagt aagatgccta ggactgtcat tgcctTggat      1500
ggTgggctct atgaacatta caagaagtTc agcagttgct tagaatcaac tctaacagac      1560
cttctTgggg atgatgtctc gtcttcggTg gttaccaagc tggccaacga tggTtctggc      1620
attggagctg ctcttctcgc agcctcgcac tcccagtatg ccgagatcga ctagctttaa      1680
ggatgatcct gatgaatgat gaatcaaact cCgttTgtag gttctcattt ccccttcaa      1740
aatccacata atactcctgg ctccccctt gaaatcttac catctTTTT tggctattct      1800
gagggcaaac ataagtgcct ctgcagcggg atatagctag tatagcgcca atgagttTgg      1860
aggTTTTcta atggcataaa acgtTggatg gcagtagcag actaacaggg aaatggaggc      1920
acaggcaatt tccattcctg tTctgtcaga tTcttttccc ccttaattga tgttgagaac      1980
caagatTTTT tTgtctgtga ttttctcttc gtaataaaga aggggacata atctaattgc      2040
tcttgtttga tctcataa                                     2058

```

<210> 56

<211> 507

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 56

```

Met Gly Lys Ala Ala Ala Val Gly Thr Ala Val Val Val Ala Ala Ala
1           5           10           15

```

```

Val Gly Val Ala Val Val Leu Ala Arg Arg Arg Arg Arg Arg Asp Leu
20           25           30

```

```

Glu Leu Val Glu Gly Ala Ala Ala Glu Arg Lys Arg Lys Val Ala Ala
35           40           45

```

```

Val Ile Glu Asp Val Glu His Ala Leu Ser Thr Pro Thr Ala Leu Leu
50           55           60

```

```

10 Arg Gly Ile Ser Asp Ala Met Val Thr Glu Met Glu Arg Gly Leu Arg
65           70           75           80

```

ES 2 651 244 T3

Gly Asp Ser His Ala Met Val Lys Met Leu Ile Thr Tyr Val Asp Asn
 85 90 95
 Leu Pro Thr Gly Asn Glu Gln Gly Leu Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly
 100 105 110
 Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val Gln Leu Gly Gly Lys Glu Lys
 115 120 125
 Arg Val Val Gln Gln Gln Tyr Glu Glu Val Ser Ile Pro Pro His Leu
 130 135 140
 Met Val Gly Thr Ser Met Glu Leu Phe Asp Phe Ile Ala Ser Ala Leu
 145 150 155 160
 Ser Lys Phe Val Asp Thr Glu Gly Asp Asp Phe His Leu Pro Glu Gly
 165 170 175
 Arg Gln Arg Glu Leu Gly Phe Thr Phe Ser Phe Pro Val Ser Gln Thr
 180 185 190
 Ser Ile Ser Ser Gly Thr Leu Ile Lys Trp Thr Lys Gly Phe Ser Ile
 195 200 205
 Asn Asp Ala Val Gly Glu Asp Val Val Ser Glu Leu Gly Lys Ala Met
 210 215 220
 Glu Arg Gln Gly Leu Asp Met Lys Ile Ala Ala Leu Val Asn Asp Thr
 225 230 235 240
 Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr Ala Asp Asn Ser Val Val Ala
 245 250 255
 Ala Ile Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn Ala Ala Tyr Val Glu Asn Ala
 260 265 270
 Asn Ala Ile Pro Lys Trp Thr Gly Leu Leu Pro Arg Ser Gly Asn Met
 275 280 285
 Val Ile Asn Thr Glu Trp Gly Ser Phe Lys Ser Asp Lys Leu Pro Leu
 290 295 300
 Ser Glu Phe Asp Lys Ala Met Asp Phe Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu
 305 310 315 320
 Gln Ile Tyr Glu Lys Leu Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val
 325 330 335

ES 2 651 244 T3

Arg Arg Ile Leu Leu Lys Leu Ala His Asp Ala Ala Leu Phe Gly Asp
340 345 350

Val Val Pro Ser Lys Leu Glu Gln Pro Phe Val Leu Arg Thr Pro Asp
355 360 365

Met Ser Ala Met His His Asp Ser Ser His Asp Leu Lys Thr Val Gly
370 375 380

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

Arg Tyr Ile Thr Ser His Ile Cys Asp Ile Val Ala Glu Arg Ala Ala
405 410 415

Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile Tyr Gly Val Leu Lys Lys Leu Gly Arg
420 425 430

Asp Lys Met Pro Lys Asp Gly Ser Lys Met Pro Arg Thr Val Ile Ala
435 440 445

Leu Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Lys Lys Phe Ser Ser Cys Leu
450 455 460

Glu Ser Thr Leu Thr Asp Leu Leu Gly Asp Asp Val Ser Ser Ser Val
465 470 475 480

Val Thr Lys Leu Ala Asn Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu
485 490 495

Ala Ala Ser His Ser Gln Tyr Ala Glu Ile Asp
500 505

<210> 57

<211> 2070

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 57

gaggaaggag gaggagtagg acgctgcagt ggtgggtggc gtagctcccg atccgggaag 60

ccgacccggt ctgggggatt tgctcctggc gcgcgctcga tcgagaggga ggccagggtt 120

gggttggggg gagcgtgaag aagcgcgcgc gcggctatgg ggaaggggac ggtagtgggg 180

acggcggttg tgggtgtgcgc tgcagcggcc gcggcggttg gggtggcggt ggtggtgtcg 240

cggaggagga ggagcaagcg ggaggcggag gaggagcggc ggaggagggc cgccgctgtg 300

atcgaggagg tggagcagag gttctcgacg cccacggcgc tgctgcgcgg catcgcgagc 360

ES 2 651 244 T3

```

gccatggtgg aggagatgga gcgcggcctc cgcgcgcacc ctcacgcccc gctcaagatg      420
ctcatcagct acgtcgacaa cctccccacc ggggatgagc acggactgtt ctatgctctc      480
gatcttgggg gcaccaatth cagtgttata cgtgttcagc ttggaggaag ggaaaagcgt      540
gttgtagtgc aacagtacga agagggtgcc attccacctc acctgatggt tgggacttct      600
atggaactgt ttgacttcat tgcggctgag ttggaagtt ttgtcaagac cgaggagag      660
gatttccact tgccagaggg caggcagaga gagttaggct tcaccttttc tttcccagtg      720
caccaaocat caatatcatc aggcactctt attaatgga caaagggtt ttccatcaat      780
ggcacggtgg ggaagatgt tgtggctgaa ttgagcaggg ctatggaaag gcaagggtt      840
gatatgaaag ttacagctct tgttaatgac actgtaggca cattggctgg cggaagatat      900
gttgataatg acgttgctgc tgcgttaata ttaggcactg gcacaaacgc agcctacgtg      960
gagcatgcaa atgcaattcc aaaatggact ggattactac ctatgcagg aaatatggtg     1020
attaacatgg aatggggaaa cttcaagtca gaaaggcttc ctggttcaga ttacgataat     1080
gccttggtact ttgaaagttt aaaccagggc gagcagatat atgaaaagat gatttccggc     1140
atgtatcttg gagagattgt gcgcagaatc ttgcttaagc ttgctcatga tgcttccttg     1200
tttgagatg ttgttccaac aaagctggag cagcgtttta tactgaggac gccggacatg     1260
tcagcgatgc atcatgatac ctcacatgat ctgaaacacc tgggagctaa gctgaaggat     1320
atcctggggg tcgctgatac ttccctggaa gcacgataca tcaccttca tgtctgcgac     1380
ctcgttgcat agagaggtgc acgcttagct gctgctggtt tatatggcat tctaaagaag     1440
ctgggcaggg acagagtgcc aagtgcgggt agtcaaaagc agaggactgt cattgctctg     1500
gatggtggtc tctatgagca ttacaagaag ttcagaacct gcctagaagc aacgcttgca     1560
gacctgcttg gagaggaggc tgccatcatc gttgttgtca agttggcaaa cgatggctct     1620
ggcatcggag ctgcacttct tgcagcatct cactcccagt atgctagcgt cgagtagtaa     1680
caggagctca tgggactgag ctcccagtgt agcttgtttt cctcccattt tccccgtttc     1740
tttccaatgg gagttcgttt cctcctgcg attcgcactc ccttttgcta ttctgcagtc     1800
acataaacga gtgcctgtgc agcgggatgt agctagtatg gcgcaaaga gtttgagtt     1860
atcacatgaa caagcatttg caactgcagg gaagtgaana cgggggcttg aatgatgccg     1920
ttcttttctc gcaaattatt ttcccccttt ccctgtaagt ttgtattgtg atgcgatgct     1980
gcaaaccaat cacagcgggt tgcgtgtag ccttttgtca ttcagatttc agaataaaga     2040
gggggacata atttcacttt tcgtatgtca                                     2070

```

<210> 58

<211> 506

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 58

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr Val Asp Asn Asp Val Ala Ala Ala
 245 250 255
 Val Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn Ala Ala Tyr Val Glu His Ala Asn
 260 265 270
 Ala Ile Pro Lys Trp Thr Gly Leu Leu Pro Arg Ser Gly Asn Met Val
 275 280 285
 Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe Lys Ser Glu Arg Leu Pro Arg Ser
 290 295 300
 Asp Tyr Asp Asn Ala Leu Asp Phe Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Gln
 305 310 315 320
 Ile Tyr Glu Lys Met Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg
 325 330 335
 Arg Ile Leu Leu Lys Leu Ala His Asp Ala Ser Leu Phe Gly Asp Val
 340 345 350
 Val Pro Thr Lys Leu Glu Gln Arg Phe Ile Leu Arg Thr Pro Asp Met
 355 360 365
 Ser Ala Met His His Asp Thr Ser His Asp Leu Lys His Leu Gly Ala
 370 375 380
 Lys Leu Lys Asp Ile Leu Gly Val Ala Asp Thr Ser Leu Glu Ala Arg
 385 390 395 400
 Tyr Ile Thr Leu His Val Cys Asp Leu Val Ala Glu Arg Gly Ala Arg
 405 410 415
 Leu Ala Ala Ala Gly Ile Tyr Gly Ile Leu Lys Lys Leu Gly Arg Asp
 420 425 430
 Arg Val Pro Ser Asp Gly Ser Gln Lys Gln Arg Thr Val Ile Ala Leu
 435 440 445
 Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Lys Lys Phe Arg Thr Cys Leu Glu
 450 455 460
 Ala Thr Leu Ala Asp Leu Leu Gly Glu Glu Ala Ala Ser Ser Val Val
 465 470 475 480
 Val Lys Leu Ala Asn Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala
 485 490 495
 Ala Ser His Ser Gln Tyr Ala Ser Val Glu
 500 505

5 <210> 59
 <211> 1816
 <212> ADN
 <213> Oryza sativa

10 <400> 59

ES 2 651 244 T3

```

ctttgatctt gaccaccaat ctgcatttc ttggatcttc tctcttcct cactcctcga      60
tcgatccatc gattggttgc tggtcggaga ccatggtggc ggcggcggtg gcggcgcgcg      120
agcaggtggt ggcggcgctg cgggaggagt gcgcgacgcc ggcggcgcgg ctggatgggg      180
tggcgcgcg c gatggccggc gagatggcgg cggggttggc ggaggagggc ggagcaaga      240
tcaagatgat cgtttcctac gtcgacaacc tccccaatgg gaccgaagag ggcttgttct      300
acgcgctgga tcttggggga acaaaacttc gagtcccg tgtgcagctt gctggaaagg      360
agaaacgggt cgtgaagcgc gagtcgagg aggtctcgat cctccccc atcatgtccg      420
gcaactcctc ggagctgttt ggcttcacgc cttccgcgtt agccaagttc gtcgctgatg      480
aaggacataa tgccgtgttc aacgacaggc aaagggaact ggggttcacc ttctctttcc      540
ctgtgcggca aacatcgatt gcgtctggga ctcttatcaa gtggaccaag gcgttttcta      600
ttgatgatgc ttaggtgaa gatgtggtgg ccgaattgca gatggccatg gagaagcaag      660
gtctggacat gcgcgtttcc gcattgacca atgacactgt tgggacattg gcggcaggca      720
gctactacga cgaagatatt gtcgtcgggtg tgatcttagg cactggctca aacgccgc at      780
atcttgagaa ggcaaatgct atccctaagt tggaaggcga gttacaaaaa tcaggaaaca      840
tggttattaa tacagaatgg ggtaacttct cctcatcctg tcttccaata acagaatatg      900
atgaagcact agataaagag agcttaaacc ctggagagca gatcttcgag aaattgatgt      960
caggaatgta tctaggtgaa atcgtaagga gagtgttct taaaatatct ttgcagtctt     1020
caatttttgg caatctagat cagaccaagc tcaaaaccgc ctttattctg aggactcctg     1080
atatttccgt gatgcacat gatggaacac ctgatctcag aattgtggct gaaaaacttg     1140
cagataaacct gaagatcaca gacacatcct tagaacaag gaagatggtt gtcgaaatct     1200
gtgacatcgt caccogaaga tcagcccggc tggctgctgc tgggatcgta gggatcctca     1260
ggaagatcgg cagaggcgtc ccaggcgaca agcgaaagtc ggtcatcgcc atcgatggcg     1320
gtctatatga acattacacc gaattccggc agtgccctgga gaccacgctg acggagtgc     1380
tcggagaaga ggcgtcgaag tcggtggctg tcaagcttgc aaacgacggg tctggccttg     1440
gagctgccct gattgcagct gctcattctc agtacctgaa ttgattcccc atagacagag     1500
ttccaacttt tattagtac tcagtgtgtg tgttatagtt tatagaatgt ggtgaagttc     1560
tgtatgtttc gaaggagcct gatggactct acaaacaaaa ttttcagaaa tgaaatcgaa     1620
gccaaatgtg ttggtggtgt tgcaatttgc agtatctact ctgaattatt ataggagaaa     1680
atagttctga acttttgttg taccggataa agtagttctg aactttgttg tcggttattt     1740
ttggttcagt acttacatca ataattcctt catatcacia aaaaaagttt gtatcaacgg     1800
atttaaattt tgaaat                                     1816

```

5 <210> 60
 <211> 463
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

10 <400> 60

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

180										185					190				
Met	Arg	Val	Ser	Ala	Leu	Thr	Asn	Asp	Thr	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Ala				
		195					200						205						
Gly	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Glu	Asp	Ile	Val	Val	Gly	Val	Ile	Leu	Gly	Thr				
	210					215					220								
Gly	Ser	Asn	Ala	Ala	Tyr	Leu	Glu	Lys	Ala	Asn	Ala	Ile	Pro	Lys	Leu				
225					230					235					240				
Glu	Gly	Glu	Leu	Pro	Lys	Ser	Gly	Asn	Met	Val	Ile	Asn	Thr	Glu	Trp				
				245					250					255					
Gly	Asn	Phe	Ser	Ser	Ser	Cys	Leu	Pro	Ile	Thr	Glu	Tyr	Asp	Glu	Ala				
			260					265					270						
Leu	Asp	Lys	Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Gly	Glu	Gln	Ile	Phe	Glu	Lys	Leu				
		275					280					285							
Ile	Ser	Gly	Met	Tyr	Leu	Gly	Glu	Ile	Val	Arg	Arg	Val	Leu	Leu	Lys				
	290					295					300								
Ile	Ser	Leu	Gln	Ser	Ser	Ile	Phe	Gly	Asn	Leu	Asp	Gln	Thr	Lys	Leu				
305					310						315				320				
Lys	Thr	Arg	Phe	Ile	Leu	Arg	Thr	Pro	Asp	Ile	Ser	Val	Met	His	His				
				325					330					335					
Asp	Gly	Thr	Pro	Asp	Leu	Arg	Ile	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	Ala	Asp	Asn				
			340					345					350						
Leu	Lys	Ile	Thr	Asp	Thr	Ser	Leu	Glu	Thr	Arg	Lys	Met	Val	Val	Glu				
		355					360					365							
Ile	Cys	Asp	Ile	Val	Thr	Arg	Arg	Ser	Ala	Arg	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly				
	370					375					380								
Ile	Val	Gly	Ile	Leu	Arg	Lys	Ile	Gly	Arg	Gly	Val	Pro	Gly	Asp	Lys				
385					390						395				400				
Arg	Lys	Ser	Val	Ile	Ala	Ile	Asp	Gly	Gly	Leu	Tyr	Glu	His	Tyr	Thr				
				405					410					415					
Glu	Phe	Arg	Gln	Cys	Leu	Glu	Thr	Thr	Leu	Thr	Glu	Leu	Leu	Gly	Glu				
			420					425					430						
Glu	Ala	Ser	Lys	Ser	Val	Ala	Val	Lys	Leu	Ala	Asn	Asp	Gly	Ser	Gly				
		435					440					445							
Leu	Gly	Ala	Ala	Leu	Ile	Ala	Ala	Ala	His	Ser	Gln	Tyr	Leu	Asn					
	450					455					460								

5 <210> 61
 <211> 1835
 <212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 61

cactgaaagg gatcaactaa actactgatg aaaaaaagtt gagtgccttta gacaaaaaca	60
caaaaactttc acgtgcctcc ctccaatccc agattatttt tctatagatc gatcgatcga	120
gccccgtgaa tgcgattctg cgcgcatttc cagagcgtct tttgatcgtg gttgggtttg	180
tctgaaccga actccaaagg tctcgccttt cttgctctga agcttttctt tagcttttctg	240
attcgcctgt cggggaccgg gatcatggcg gcggtggagg cggagaaggt ggtggcggag	300
ctgcgggaga ggtgcgcgac gcgggcgtcg ctgctgcggg atgtggcggc ggcgatggcc	360
ggcgagatgg gcgccggcct ggagaaggag ggtgggagca gggtaagat gctgctctcc	420
tacgtcgaca agctccccac tgggagagag gatggattgt tctatggatt ggacctagga	480
ggaacaaaact tccgggtgct caaggttcat cttggtggca gcaagaagca tgtcgtcaac	540
tctgaatcca gggaagtcat catcccacca cacctgatgt cagggacctc ctcggaattg	600
tttggtttca ttgctgggga attaggcaag tttgttctg aagaggagga gggtagtgac	660
atgccaaacg gcaagaagaa agagctagga ttcaccttct cttttcctgt gaggcaacga	720
tctgtggcat cgggtaccct tgtcaagtgg acaaaggcgt tttccattga tgatgcagta	780
ggtgaagatg ttgtggctga actacaaacg gctatgggtg aacaaggctc ggacatgcat	840
gtagctgcat tgattaatga tgctgttggg acattggctg gagcaagata ctacgatgaa	900
gatgttgtcg caggtgtgat atttggtact ggcacaaatg ctgcatatgt tgagaaggca	960
aatgctatac caaaatggga aggggagttg cccaattcag gggatatggt catcaatatg	1020
gaatggggta atttctattc atcgcatctt ccagttactg aatacgatga agcattagac	1080
aaggaaaagt taaaccctgg agagcagata tatgagaagt taacatcagg aatgtattta	1140
ggtgaaatcg taagaagagt gctgcttaaa ctgtccttgc agtctggaat tttcggttct	1200
atagataact ccaagctcaa aacttgtttc catctgcgga ctccgcacat ttctgcaatg	1260
caccatgatg aaacacctga cctaaagata gtggctgaaa aattgcatca aatcctagag	1320
attacacata catccttaga gataaggaaa atggttgtcg aaatatgca tatcgtggca	1380
aggagggcag ctccggtggc tgctgctggg gttgcaggga tcctcatgaa gcttggaaga	1440
5 aatggcggca tcaacaatca gcgctcggtc atcgccattg atggagggtt gttcgaacac	1500
tacaccaaat tcagggaatg tttggagagc acgttgggtg agttgctggg agaggaggct	1560
tccaagtctg tagccgtcaa gcacgcgaac gacgggtcag ggataggggc tgcccttatt	1620
gcagcctctc aatctcgatg aaaatttgct agataaatag tagtatatgc cgtccatttt	1680
tgctctggag tgaaaaaat tattgaaaa acctagcttt gttgtatgtg ctgcttgggc	1740
atggtggaac tggaagcagt ctgtaaccaa aatgaggctt gatatactgt cgcctgcat	1800
agttgtaacc tgaataaaaa ttggaactgc aaac	1835

<210> 62

<211> 458

<212> PRT

<213> Oryza sativa

10

ES 2 651 244 T3

<400> 62

Met Ala Ala Val Glu Ala Glu Lys Val Val Ala Glu Leu Arg Glu Arg
1 5 10 15

Cys Ala Thr Arg Ala Ser Leu Leu Arg Asp Val Ala Ala Ala Met Ala
20 25 30

Gly Glu Met Gly Ala Gly Leu Glu Lys Glu Gly Gly Ser Arg Val Lys
35 40 45

Met Leu Leu Ser Tyr Val Asp Lys Leu Pro Thr Gly Arg Glu Asp Gly
50 55 60

Leu Phe Tyr Gly Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Lys
65 70 75 80

Val His Leu Gly Gly Ser Lys Lys His Val Val Asn Ser Glu Ser Arg
85 90 95

Glu Val Ser Ile Pro Pro His Leu Met Ser Gly Thr Ser Ser Glu Leu
100 105 110

Phe Gly Phe Ile Ala Gly Glu Leu Gly Lys Phe Val Ala Glu Glu Glu
115 120 125

Glu Gly Thr Asp Met Pro Asn Gly Lys Lys Lys Glu Leu Gly Phe Thr
130 135 140

Phe Ser Phe Pro Val Arg Gln Arg Ser Val Ala Ser Gly Thr Leu Val
145 150 155 160

Lys Trp Thr Lys Ala Phe Ser Ile Asp Asp Ala Val Gly Glu Asp Val
165 170 175

ES 2 651 244 T3

Val	Ala	Glu	Leu	Gln	Thr	Ala	Met	Val	Lys	Gln	Gly	Leu	Asp	Met	His	180	185	190	
Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Asn	Asp	Ala	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Ala	Arg	195	200	205	
Tyr	Tyr	Asp	Glu	Asp	Val	Val	Ala	Gly	Val	Ile	Phe	Gly	Thr	Gly	Thr	210	215	220	
Asn	Ala	Ala	Tyr	Val	Glu	Lys	Ala	Asn	Ala	Ile	Pro	Lys	Trp	Glu	Gly	225	230	235	240
Glu	Leu	Pro	Asn	Ser	Gly	Asp	Met	Val	Ile	Asn	Met	Glu	Trp	Gly	Asn	245	250	255	
Phe	Tyr	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Val	Thr	Glu	Tyr	Asp	Glu	Ala	Leu	Asp	260	265	270	
Lys	Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Gly	Glu	Gln	Ile	Tyr	Glu	Lys	Leu	Thr	Ser	275	280	285	
Gly	Met	Tyr	Leu	Gly	Glu	Ile	Val	Arg	Arg	Val	Leu	Leu	Lys	Leu	Ser	290	295	300	
Leu	Gln	Ser	Gly	Ile	Phe	Gly	Ser	Ile	Asp	Asn	Ser	Lys	Leu	Lys	Thr	305	310	315	320
Cys	Phe	His	Leu	Arg	Thr	Pro	His	Ile	Ser	Ala	Met	His	His	Asp	Glu	325	330	335	
Thr	Pro	Asp	Leu	Lys	Ile	Val	Ala	Glu	Lys	Leu	His	Gln	Ile	Leu	Glu	340	345	350	
Ile	Thr	His	Thr	Ser	Leu	Glu	Ile	Arg	Lys	Met	Val	Val	Glu	Ile	Cys	355	360	365	
Asp	Ile	Val	Ala	Arg	Arg	Ala	Ala	Arg	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly	Val	Ala	370	375	380	
Gly	Ile	Leu	Met	Lys	Leu	Gly	Arg	Asn	Gly	Gly	Ile	Asn	Asn	Gln	Arg	385	390	395	400
Ser	Val	Ile	Ala	Ile	Asp	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	His	Tyr	Thr	Lys	Phe	405	410	415	
Arg	Glu	Cys	Leu	Glu	Ser	Thr	Leu	Gly	Glu	Leu	Leu	Gly	Glu	Glu	Ala	420	425	430	
Ser	Lys	Ser	Val	Ala	Val	Lys	His	Ala	Asn	Asp	Gly	Ser	Gly	Ile	Gly	435	440	445	
Ala	Ala	Leu	Ile	Ala	Ala	Ser	Gln	Ser	Arg							450	455		

<211> 1844
<212> ADN
<213> Oryza sativa

5 <400> 63

```

gaactcgcgt tgacctattg actcgtgtcg ccgtctcgcc gagcgaaccc gacgtcgtcg      60
gcgatgagga aggcggcggc gctggcgctc gcggcgatgg ccgcagcagc agtagcggta      120
gtctccacgg tgttgacca gaggcaacgt cggcgggcga agcggtcaga gcgcgaggag      180
gccgtgctgc tgcgggacct gcaggagcgg tgcgccgcgc cgggtggagct gctgcggcag      240
gtggcggaag cgatggccgc ggagatgcgc gcggggctcg ccgccgaggg cgggagcgac      300
ctccagatgc tcgtcaccta cgttgactcc ctcccctccg ggggtgagaa agggatgttt      360
tatgcacttg acctggagg aacaaatttc cgtgttttac gagttcaatt aggaggcaaa      420
gaacgtcgaa ttatcaagca agactcagaa gggatatcca ttccacaaca tttaatgtcc      480
agcagttcac atgagttggt tgattttggt gctgtggctt tagcaaaatt tgttgccctc      540
gaaggtgaag actgccatct tcttgagggt acccaaagag aactaggttt tacattctcc      600
tttccagtga aacaaaaatc attggcatct ggcactctta tcaagtggac gaagagtttt      660
gcaattgatg aaatggtcgg caaggatggt gtggctgaat taaacatggc tatcagaagt      720
caaggacttg atatgaaagt cacagcattg gttaatgata cagtagggac attagctgct      780
gggagatatg tgaatcatga tactattgct gctgttatac tgggaacagg tagtaatgca      840
gcgtacatag atcatgcaga tgcaattcca aaatggcatg gatccctgcc caagtctgga      900
aatatggtaa taaacatgga atggggtaac tttaaagtcct cacatcttcc acttactgaa      960
tttgatcaag agttggatgc agaaagtttg aaccctggca aacaggttta cgagaaatcg     1020
atctctggtg tgtatatggg ggaacttggt cgaagaatct tactaaagat ggctcaagaa     1080
actcgcatth ttggtgataa tatacctcca aaacttgaga gaccatacat ctttaaggaca     1140
cttgacatgc tgatcatgca tcatgatata tcatctgata tcagaacagt tgccaacaag     1200
ttgaaagaag tcttggggat cgaatatacc tctttcacga cgaggaaact ggttttggat     1260
gtttgtgagg ccattgcgac acgcggtgca cggcttgctg ctgctgggat atatggcatt     1320
atccaaaagc ttgggtcagca ttctgacagc ccagtagcga gaagggtccg gattgctgtg     1380
gatggagggg tctataaata ctacactttc ttcagccagt gcatggagag cactctgagt     1440
gacatgcttg ggtaggagct ggccccctct gttatgatca agcatgtcaa tgatggctca     1500
ggcgttgggg cagctctcct ggcagcctct tattctcaat accaccaggc tgaatctgca     1560
gatagttcat aatattctaa aaaaaagaag ctgaatctgc agatagctct taatattctg     1620
aaaaaactgt caaaaaataa tattctgaaa aaaaactgtg tattaaggtg ataaacaata     1680
ggttttggag caattttttt ttttaagataa tggattaaac cggcctctac atccaaacga     1740
gattctagag caatagcagc tatacagttt gcctaagggc taaatatctt gtattttgca     1800
aatgtcaatt gtacatgaac tctatctgca atatctgttc agtg                          1844

```

10

<210> 64
<211> 502
<212> PRT

ES 2 651 244 T3

<213> Oryza sativa

<400> 64

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

Val Ala Val Val Ser Thr Val Leu His Gln Arg Gln Arg Arg Ala Ala
20 25 30

Lys Arg Ser Glu Arg Ala Glu Ala Val Leu Leu Arg Asp Leu Gln Glu
35 40 45

Arg Cys Ala Ala Pro Val Glu Leu Leu Arg Gln Val Ala Asp Ala Met
50 55 60

Ala Ala Glu Met Arg Ala Gly Leu Ala Ala Glu Gly Gly Ser Asp Leu
65 70 75 80

Gln Met Leu Val Thr Tyr Val Asp Ser Leu Pro Ser Gly Gly Glu Lys
85 90 95

Gly Met Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu
100 105 110

Arg Val Gln Leu Gly Gly Lys Glu Arg Arg Ile Ile Lys Gln Asp Ser
115 120 125

Glu Gly Ile Ser Ile Pro Gln His Leu Met Ser Ser Ser Ser His Glu
130 135 140

Leu Phe Asp Phe Val Ala Val Ala Leu Ala Lys Phe Val Ala Ser Glu
145 150 155 160

5

ES 2 651 244 T3

Gly Glu Asp Cys His Leu Pro Glu Gly Thr Gln Arg Glu Leu Gly Phe
 165 170 175
 Thr Phe Ser Phe Pro Val Lys Gln Lys Ser Leu Ala Ser Gly Thr Leu
 180 185 190
 Ile Lys Trp Thr Lys Ser Phe Ala Ile Asp Glu Met Val Gly Lys Asp
 195 200 205
 Val Val Ala Glu Leu Asn Met Ala Ile Arg Ser Gln Gly Leu Asp Met
 210 215 220
 Lys Val Thr Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Ala Gly
 225 230 235 240
 Arg Tyr Val Asn His Asp Thr Ile Ala Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly
 245 250 255
 Ser Asn Ala Ala Tyr Ile Asp His Ala Asp Ala Ile Pro Lys Trp His
 260 265 270
 Gly Ser Leu Pro Lys Ser Gly Asn Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly
 275 280 285
 Asn Phe Lys Ser Ser His Leu Pro Leu Thr Glu Phe Asp Gln Glu Leu
 290 295 300
 Asp Ala Glu Ser Leu Asn Pro Gly Lys Gln Val Tyr Glu Lys Ser Ile
 305 310 315 320
 Ser Gly Met Tyr Met Gly Glu Leu Val Arg Arg Ile Leu Leu Lys Met
 325 330 335
 Ala Gln Glu Thr Arg Ile Phe Gly Asp Asn Ile Pro Pro Lys Leu Glu
 340 345 350
 Arg Pro Tyr Ile Leu Arg Thr Leu Asp Met Leu Ile Met His His Asp
 355 360 365
 Thr Ser Ser Asp Leu Arg Thr Val Ala Asn Lys Leu Lys Glu Val Leu
 370 375 380
 Gly Ile Glu Tyr Thr Ser Phe Thr Thr Arg Lys Leu Val Leu Asp Val
 385 390 395 400
 Cys Glu Ala Ile Ala Thr Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile
 405 410 415

ES 2 651 244 T3

Tyr Gly Ile Ile Gln Lys Leu Gly Gln His Ser Asp Ser Pro Ser Thr
420 425 430

Arg Arg Ser Val Ile Ala Val Asp Gly Gly Val Tyr Lys Tyr Tyr Thr
435 440 445

Phe Phe Ser Gln Cys Met Glu Ser Thr Leu Ser Asp Met Leu Gly Gln
450 455 460

Glu Leu Ala Pro Ser Val Met Ile Lys His Val Asn Asp Gly Ser Gly
465 470 475 480

Val Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Tyr Ser Gln Tyr His Gln Ala
485 490 495

Glu Ser Ala Asp Ser Ser
500

<210> 65
<211> 1585
<212> ADN
<213> Oryza sativa

<400> 65

gtggagtgat cgatcgactc gggcgcgggg agggggaggg gaggggaggt gggggggaat	60
ggaggggagg gcggcggggt gggtaggggt ggcgcggggt gggtagggcg tggcgggcgtg	120
cgcggtggcg gcgggggatg tggcgaggcg agggcgggcg agggtagcgt ggaacagggc	180
ggtgcggggt gtgcggggacc tggaggagcg gtgcggccacg cccgaggagc tgctgcagcg	240
ggtggtcaac tcgctggcca tcgagatgtt cgccggcctc gcctccgacg gcgggagcaa	300
ggtgcggatg ctgctcacct gcgtcgacgc gctccccgac gggagcgagg aaggcatcag	360
ttatgccatt gatcttggag gaacaagctt tagagtctctg aaagtagaac ttggcgagcg	420
gtctacaatc atcaatcgaa aagttgaaca tcagcctatc cccgaaaatt tgactaaggg	480
tacaagcgat gatttgttca atttcattgc ctcggcactg aagaatttta ttgaaagaga	540
gggtggggag gttgagggga gggcacttgg ttttacattt tctttccctg tgagacagac	600
ttccatttcc tcgggggacat taattcgatg gactaaagaa ttttcaattg aagaggctgt	660
cgggaaagat gttgctcagt gcctaaatga agcccttgct aggaatggac tcaatatgaa	720
ggtcaatgta ttgggtgaaca atactgtggg gacattagct ctcgggcatt attatgatga	780
tgacacagta gctgctgtga ttattggagc tggcaccaat gcttgctata ttgaacgcaa	840
cgatgcaatt attaaatctt tgggtcgcggt taccaattct gaacgaacgg tagtaaatgt	900
ggaatgggggt agttttcggc ctccacaaat agaattgact ccttatgata tatgcttcaa	960

ES 2 651 244 T3

caacgaaaca tggaattatt atgaccaggg ttttgagaaa atgatctctg gtgtgtatct 1020
 tggggaaatt gcaagattgg tggtccaaaa aatggctgaa gagtcagata tatttggtac 1080
 tgctgttgat ggtctatcga cccctttcgt cttaagtaca ccaaacttag ctgctatccg 1140
 cgaggatgat tccccggact tgagagaagt cggcaagata cttgaggaaac atcttaagct 1200
 accagatggt cccctcaaga cccggaagct tggtgccaga gtctccgaca tcatcaccg 1260
 gagagctgcc cgcttagcag cggctgcgat tgtcgcgata ctgcaaaaga tcggctgcga 1320
 tggaaccctt tgtggttcaa ctcagggtcg aacaatgcga ggcgtgcgaa gaagaacggt 1380
 ggtcgcgac gagggcggc tottcgaagg ctactcggtc ttcagagagt atctgaatga 1440
 agctctagtt gagatccttg gagaggagat tgcagccact gttagtctta gggtagtga 1500
 ggaggatct gggactggtg ctgccctcct tgcagctgca tattcatcgg ctaggcagaa 1560
 gaactccgag taggcatgag acaca 1585

<210> 66

<211> 504

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 66

Met Glu Gly Arg Ala Ala Gly Trp Val Arg Val Ala Ala Val Gly Trp
 1 5 10 15

Ala Val Ala Ala Cys Ala Val Ala Ala Gly Met Val Ala Arg Arg Gly
 20 25 30

Ala Ala Arg Val Arg Trp Asn Arg Ala Val Ala Val Val Arg Asp Leu
 35 40 45

Glu Glu Arg Cys Ala Thr Pro Ala Glu Leu Leu Gln Arg Val Val Asn
 50 55 60

Ser Leu Ala Ile Glu Met Phe Ala Gly Leu Ala Ser Asp Gly Gly Ser
 65 70 75 80

Lys Val Arg Met Leu Leu Thr Cys Val Asp Ala Leu Pro Asp Gly Ser
 85 90 95

Glu Glu Gly Ile Ser Tyr Ala Ile Asp Leu Gly Gly Thr Ser Phe Arg
 100 105 110

Val Leu Lys Val Glu Leu Gly Ala Gly Ser Thr Ile Ile Asn Arg Lys
 115 120 125

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Pro Leu Lys Thr Arg Lys Leu Val Ala Arg Val Ser Asp Ile Ile Thr
385 390 395 400

Arg Arg Ala Ala Arg Leu Ala Ala Ala Ala Ile Val Ala Ile Leu Gln
405 410 415

Lys Ile Gly Cys Asp Gly Thr Leu Cys Gly Ser Thr Gln Val Arg Thr
420 425 430

Met Arg Gly Val Arg Arg Arg Thr Val Val Ala Ile Glu Gly Gly Leu
435 440 445

Phe Glu Gly Tyr Ser Val Phe Arg Glu Tyr Leu Asn Glu Ala Leu Val
450 455 460

Glu Ile Leu Gly Glu Glu Ile Ala Ala Thr Val Ser Leu Arg Val Met
465 470 475 480

Glu Glu Gly Ser Gly Thr Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ala Tyr Ser
485 490 495

Ser Ala Arg Gln Lys Asn Ser Glu
500

<210> 67

<211> 1494

<212> ADN

<213> Sorghum bicolor

<400> 67

atggggcggg tcgggctcgg cgtggcgggc ggctgcgcgg ccgccacgtg cgcgatcgcc	60
gccgcgctgg tggcgcgag ggcgtcggcg cggcgcgct ggcgccgcgc cgtcgcgctg	120
ctcagggagt tcgaggaagg ctgcgccacg ccgacgccgc gcctgcgcca ggtcgtcgac	180
gccatggtcg tcgagatgca cgcgggcctc gcctccgacg cgggcagcaa gctcaagatg	240
ctgctcacct tcgtcgacgc gctccccgcc ggaaatgaac aaggcacata ttattccatc	300
gatcttgag gaacaaactt tagagtgttg agagttgaag ttggtgctgt gtctgtggtg	360
accagtcggg aggttaaact tcccatccct gaggaattga ccaagggtac aattgaggag	420
ctattcaact ttgttgccat gaccctaaag gaattttag agacagaaga tgttaaagat	480
gaacaaagg cgcttggttt cacattttct ttcccagtta gacaaacttc agtgtcttca	540
gggtcattaa ttaggtggac taaaggttt ttgattgaag atgcggttgg gaaagatgtg	600
gctcaatgct taaatgaagc tcttgctagg agtggactaa atgtgcgagt tactgcactg	660
gtgaacgaca ccgtggggac attagctcta ggacattatt atgatgagga tacagtggct	720

ES 2 651 244 T3

```

gctgtgatca tcggtgctgg caccaatgct tgctatattg aacgcactga tgcaattatt      780
aaatgtcagg gtcttcttac aaactctggt ggcatggtag taaacatgga atggggcaat      840
ttctggatcat cacatttgcc aagaactcct tatgacatct cccttgatga tgagacgcaa      900
aatcgcaatg atcagggggt tgagaaaatg atctctggga tttatctcgg ggaaattgca      960
aggctgggtgc tgcacgcgat ggctctagaa tcagatgttt ttggcgatgc tgctgatcat     1020
ctatctaccc ccttcacatt gagcacacca cttctggctg caattcgcaa ggacgattca     1080
ccagatctga gtgaagtcag aaggatactg caagaacatc tgaagataat ggacactccc     1140
ctgaaaactc gaaggctagt cgtcaaagtc tgcgacattg tcacccgaag agctgcacgc     1200
ctagctgctg ctggtattgt cgggatactg aaaaagctcg gtcgggatgg gagcggcgtg     1260
gcttcaagcg ggagaacacg agggcagctg aggcggacgg tggttgcgat cgaggggtggc     1320
ctgtatgagg gctaccaggt gttcaggag tacctagatg aagctctggt ggagatcttg     1380
ggggaggagg tggcgagac ggtggcgcta aggtgacag aggacgggtc tggggctggc     1440
gctgccctcc tcgcgcgctg acattcgtcg aatagacagc aaggttccat atag          1494

```

<210> 68
 <211> 497
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

<400> 68

Met Gly Arg Val Gly Leu Gly Val Ala Ala Gly Cys Ala Ala Ala Thr
 1 5 10 15

Cys Ala Ile Ala Ala Ala Leu Val Ala Arg Arg Ala Ser Ala Arg Ala
 20 25 30

Arg Trp Arg Arg Ala Val Ala Leu Leu Arg Glu Phe Glu Glu Gly Cys
 35 40 45

Ala Thr Pro Thr Pro Arg Leu Arg Gln Val Val Asp Ala Met Val Val
 50 55 60

Glu Met His Ala Gly Leu Ala Ser Asp Gly Gly Ser Lys Leu Lys Met
 65 70 75 80

Leu Leu Thr Phe Val Asp Ala Leu Pro Ala Gly Asn Glu Gln Gly Thr
 85 90 95

Tyr Tyr Ser Ile Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val
 100 105 110

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

ES 2 651 244 T3

115					120					125					
Ile	Pro	Glu	Glu	Leu	Thr	Lys	Gly	Thr	Ile	Glu	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe
130						135					140				
Val	Ala	Met	Thr	Leu	Lys	Glu	Phe	Val	Glu	Thr	Glu	Asp	Val	Lys	Asp
145						150					155				160
Glu	Gln	Arg	Ala	Leu	Gly	Phe	Thr	Phe	Ser	Phe	Pro	Val	Arg	Gln	Thr
				165					170					175	
Ser	Val	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Ile	Arg	Trp	Thr	Lys	Gly	Phe	Leu	Ile
			180					185					190		
Glu	Asp	Ala	Val	Gly	Lys	Asp	Val	Ala	Gln	Cys	Leu	Asn	Glu	Ala	Leu
		195					200					205			
Ala	Arg	Ser	Gly	Leu	Asn	Val	Arg	Val	Thr	Ala	Leu	Val	Asn	Asp	Thr
	210					215					220				
Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly	His	Tyr	Tyr	Asp	Glu	Asp	Thr	Val	Ala
225						230					235				240
Ala	Val	Ile	Ile	Gly	Ala	Gly	Thr	Asn	Ala	Cys	Tyr	Ile	Glu	Arg	Thr
				245					250					255	
Asp	Ala	Ile	Ile	Lys	Cys	Gln	Gly	Leu	Leu	Thr	Asn	Ser	Gly	Gly	Met
			260					265					270		
Val	Val	Asn	Met	Glu	Trp	Gly	Asn	Phe	Trp	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Arg
		275					280					285			
Thr	Pro	Tyr	Asp	Ile	Ser	Leu	Asp	Asp	Glu	Thr	Gln	Asn	Arg	Asn	Asp
	290					295					300				
Gln	Gly	Phe	Glu	Lys	Met	Ile	Ser	Gly	Ile	Tyr	Leu	Gly	Glu	Ile	Ala
305						310					315				320
Arg	Leu	Val	Leu	His	Arg	Met	Ala	Leu	Glu	Ser	Asp	Val	Phe	Gly	Asp
				325					330					335	
Ala	Ala	Asp	His	Leu	Ser	Thr	Pro	Phe	Thr	Leu	Ser	Thr	Pro	Leu	Leu
			340					345					350		
Ala	Ala	Ile	Arg	Lys	Asp	Asp	Ser	Pro	Asp	Leu	Ser	Glu	Val	Arg	Arg
		355					360					365			

ES 2 651 244 T3

Ile Leu Gln Glu His Leu Lys Ile Met Asp Thr Pro Leu Lys Thr Arg
370 375 380

Arg Leu Val Val Lys Val Cys Asp Ile Val Thr Arg Arg Ala Ala Arg
385 390 395 400

Leu Ala Ala Ala Gly Ile Val Gly Ile Leu Lys Lys Leu Gly Arg Asp
405 410 415

Gly Ser Gly Val Ala Ser Ser Gly Arg Thr Arg Gly Gln Leu Arg Arg
420 425 430

Thr Val Val Ala Ile Glu Gly Gly Leu Tyr Glu Gly Tyr Pro Val Phe
435 440 445

Arg Glu Tyr Leu Asp Glu Ala Leu Val Glu Ile Leu Gly Glu Glu Val
450 455 460

Ala Gln Thr Val Ala Leu Arg Val Thr Glu Asp Gly Ser Gly Ala Gly
465 470 475 480

Ala Ala Leu Leu Ala Ala Val His Ser Ser Asn Arg Gln Gln Gly Ser
485 490 495

Ile

<210> 69

<211> 2045

<212> ADN

<213> Sorghum bicolor

<400> 69

cttggtgcta gcctcctttt cccttccccc ttgaatcgaa ctggtgggag ctcttcgctg	60
tcctaccatt cccccctcgc tcttttttag cattttgctt gggctctcga ctctccgaa	120
aatccagcct tttgtttgct tttctgtctc ctgctgattg gtgtccccgg atccaggatt	180
cttgatttgc tcctcggggg ttggggccat ggcgactgct gcgctggcaa tggcagagca	240
gggtggtggcc gacctccgag cgaagtgtga ggcgccgcg ccgatgctgc gcgaggtggc	300
ggcggagatg gcccgcgaga tgggcgcggg actggagaag gaaggcgga gcagggtcaa	360
gatgctcctc tcctacgttg ataagctccc cacaggggga gaagaggat tattctatgg	420
attggacctt ggagggacga acttccgcgt cttgaaagtg gaactgggtg ggaatgagaa	480
gcacgtcgtg gaccgtgact ccagagaagt cattattcct ccacatttga tgtcaggag	540
ctcctcggag ctttttgggt tcattgcttc tgaattggcc aagtttgttg ttgatgatga	600
gaagttcatc aatgttttga atggaaagaa gcgagaacta gggttcacat tttcattccc	660

ES 2 651 244 T3

```

agtgaagcag cgttctgttg cttccggtac gcttgtcaag tggacaaagg cattttccat 720
taatgatgct gttggtgaag atgtggtggc taaactgcaa acagctatgg agaagcaagg 780
tctggacatg catgtagctg cattgattaa tgatgctgtt gggactctgg ctggagcaag 840
gtactacgac aaagatgttg tcgctggtgt aatatttggc actggcacaa atgcagcata 900
tgttgagaag gcaaattgcta ttccaaaatg ggaggggtgag ctgcccaatt caggagatat 960
ggtcatcaac atggaatggg gtaacttctg ctcagcctat ctcccaatca ctgaatatga 1020
ccaagaatta gataaggaga gcttaaatcc aggagaacag atttatgaga agttaacatc 1080
agggatgtat ttgggcgaaa ttgtaaggag ggtgctcctt aaaatatcat tgcagtctgc 1140
gatttttggc aatattgacc acactaagct cgaaaccccg ttccttctgc ggactccaca 1200
tatttctgca atgcaccatg atgaaacacc tgatctgaag attgtggcaa aaaaactgga 1260
agaaaaccta gagattacag gcgcatcctt agaggctcga aaattggtgg ttgaaatttg 1320
tgacattgtg gcaacaagag ctgcccggct ggccgctgca gggcttgag ggatcctcat 1380
gaagctcggg agagattgca gtgtcgagga tcaacgatca gtcacgcca tcgatggagg 1440
attgttcgag cactacacca aattccgcca atgcttgag accacactgg gcgagctgct 1500
aggagatgag gcgtctaagg cggtgccgct caagcatgca gatgatggtt caggaatagg 1560
tgctgccttg attgcagctt cacaatctct gtacaaaaat gacttagtgg ccgtcaagca 1620
tgcagatgac aagcatgcag atgacaagca tgaagatgca gatgacaagc atgaagatga 1680
cggtaaagga gtcaagcatg cagatgacgg ttcagaaata ggtgctgccc tgattgcagc 1740
ctcgcaatct cagtagagaa atgtcctcga aatctcagta gagaaatttc gagtgatata 1800
gtagtatcag ccatgggtgc ttaccataga tgtaggaaag actagctagc aagtagctat 1860
aatgtctttc caacatctta acagtccggc atctgcagtt agcatgctgg acctggatgt 1920
aatctataac caaaacgagg cttggcagct ggatgcaatc tgtaaccaa aacgaggttg 1980
ggaagtgttg ttcatagtgc caaacttcca ataaaagcgg agttgcagat gtctccta 2040
tcgac 2045

```

<210> 70

<211> 515

<212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 70

```

Met Ala Thr Ala Ala Leu Ala Met Ala Glu Gln Val Val Ala Asp Leu
1           5           10           15

```

```

Arg Ala Lys Cys Glu Ala Pro Pro Pro Met Leu Arg Glu Val Ala Ala
20           25           30

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

275	280	285
Leu Thr Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Leu		
290	295	300
Lys Ile Ser Leu Gln Ser Ala Ile Phe Gly Asn Ile Asp His Thr Lys		
305	310	315
320		
Leu Glu Thr Pro Phe Leu Leu Arg Thr Pro His Ile Ser Ala Met His		
325	330	335
His Asp Glu Thr Pro Asp Leu Lys Ile Val Ala Lys Lys Leu Glu Glu		
340	345	350
Asn Leu Glu Ile Thr Gly Ala Ser Leu Glu Ala Arg Lys Leu Val Val		
355	360	365
Glu Ile Cys Asp Ile Val Ala Thr Arg Ala Ala Arg Leu Ala Ala Ala		
370	375	380
Gly Leu Ala Gly Ile Leu Met Lys Leu Gly Arg Asp Cys Ser Val Glu		
385	390	395
400		
Asp Gln Arg Ser Val Ile Ala Ile Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr		
405	410	415
Thr Lys Phe Arg Gln Cys Leu Glu Thr Thr Leu Gly Glu Leu Leu Gly		
420	425	430
Asp Glu Ala Ser Lys Ala Val Ala Val Lys His Ala Asp Asp Gly Ser		
435	440	445
Gly Ile Gly Ala Ala Leu Ile Ala Ala Ser Gln Ser Leu Tyr Lys Asn		
450	455	460
Asp Leu Val Ala Val Lys His Ala Asp Asp Lys His Ala Asp Asp Lys		
465	470	475
480		
His Glu Asp Ala Asp Asp Lys His Glu Asp Asp Gly Lys Gly Val Lys		
485	490	495
His Ala Asp Asp Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Ile Ala Ala Ser		
500	505	510
Gln Ser Gln		
515		

<210> 71
 <211> 581
 <212> ADN
 <213> Triticum aestivum

<400> 71

ES 2 651 244 T3

```

gctcaagatg ctcgttagct acgtcgacaa tctgccacc ggggatgagc atgggctgtt      60
ttatgcaactg gatcttgggtg ggaccaactt tcgtgttcta cgggttcagc ttggaggaaa    120
ggagaaacgt gctgtccaac aatatgaaga ggtgccatt ccacctcatc tgatggttgg      180
gacttccacc gaactatttg atttcattgc ggctgagcta gaaagatttg ttgagactga      240
aggagacgat ttccacttgc ctgagggcag gcatagggaa ctgggtttca ccttttcttt      300
cccagtacac caaacatcga tatcgtcagg caccctcgtt aagtggacaa aaggattttg      360
catcaatggc acggttgggg aagatgtggt ggctgaattg agcagtgcta tggagaggca      420
ggggcttgat atgaaagtta cagctttggt taatgatact gtgggcacgt tggctggtgg      480
gatatatgct gataatgatg tcgtcgctgc tgtaatatgg ggcactggga caaatgcagc      540
gtatgttgag catgctaata caattcccaa atggcatggt c                          581

```

<210> 72

<211> 193

<212> PRT

<213> Triticum aestivum

<400> 72

```

Leu Lys Met Leu Val Ser Tyr Val Asp Asn Leu Pro Thr Gly Asp Glu
1              5              10              15

```

```

His Gly Leu Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val
      20              25              30

```

```

Leu Arg Val Gln Leu Gly Gly Lys Glu Lys Arg Ala Val Gln Gln Tyr
      35              40              45

```

```

Glu Glu Val Pro Ile Pro Pro His Leu Met Val Gly Thr Ser Thr Glu
      50              55              60

```

```

Leu Phe Asp Phe Ile Ala Ala Glu Leu Glu Arg Phe Val Glu Thr Glu
      65              70              75              80

```

```

Gly Asp Asp Phe His Leu Pro Glu Gly Arg His Arg Glu Leu Gly Phe
      85              90              95

```

```

Thr Phe Ser Phe Pro Val His Gln Thr Ser Ile Ser Ser Gly Thr Leu
      100             105             110

```

```

Val Lys Trp Thr Lys Gly Phe Cys Ile Asn Gly Thr Val Gly Glu Asp

```

ES 2 651 244 T3

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

Gly

<210> 73

<211> 3743

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 73

gctctctgag cctcacctcc ctgctccct tgtcttgctc tgcgatctct cgtcaagctt	60
ttttttcccc cctttctttc tttttctccc gtctctgtt gtgcttgccg cagccgatcg	120
cctacaccta gcagccgcgg ttggagtgtc gtgttttttag cttttttggag tctcagatc	180
tggcagacag tttgatgtag ggacgttggg gtaggtttat tcagctgatc gattgagagt	240
gcaaaaggcg aagctgtgtg cgtgtgcgtg tgcgtgtttg ctgctgagtg tttgggagta	300
ttgctaaagg gtagcaatgg cgatcgggaa ggtactgggg tgtgccgggt ttcagcacag	360
tgcagtgcc aacgtccgtg aaccagtgcg gctgagggcg caatgcagac gccggggaaa	420
gaccgtgtct atgtcggttc agaagacgtc gaaaacggta cagcaggcgg agaagatgtc	480
gcaggagttc cgtcagtcct cctctactcc cctgcctctt ttgcaccagg tagcggacgc	540
tctcgtgcaa gaaatgtatg ctggattggc gtcggaagggt ggtagtgatc agctgaagat	600
gcttccgacc tatgtcgaaa acttgccttc tgggtgcgct gcttctcaat accctctcct	660
cgtcgatcct tctttcgttg atgcgaagta gattcttctc ccagacctca gcaccctttg	720
tttgtcgaaa gtgcggcatg caatgctccc tcagtctgtc acggtgtccc gagcaacttc	780
taaaaaaaca catattcact tgttttgcca cgtcaccgcg tagagtgtag cagtcaagata	840
tttcaatgac ctggctcgtg gcgttctctc tttcctgttg ttaaactctc cctatcataa	900
catacggcgc agtttgattg agcttgaaac actgcttgag cacgatcaac gaacattgta	960
ctaagagaac attcgcgatc gctggggaca cgaggccgcg tcttgagaga gatgcctatt	1020

gtgaatthttg gcattctttac gaatcccttc gagthtttcaa ttgcaggagc gagaaggggc	1080
tgttctatgc cgtggattht ggccgcacaa acttccgtgt tctgcgagt gaaatgggag	1140
gcaaaacagg ccaaathttt agccaagagt tcaaggaaat ggtaatccct ccagagctta	1200
tgggtgggac tggtaaggta agacttcata cactcaaac ccattttctaa taactcttcg	1260
tatgaagagc gggacgagt gcgaatgatt ctctgggcat gatgagaagg gccatgattt	1320
gattcttatg gcgggatgcc gtgcaacagg atctthttcga cttcattgct ggtacactcg	1380
catcatthtgc cgacactgaa gacgagtcaa ttaaagctca cthttgttcaa tcgggaaaaa	1440
ccaggggagtc cggthttcgt ttctccttcc ccgttcgaca gacctcagtc aaatctggca	1500
ttgtcatcca ctggacgaag ggcttcaaag ttgatgatgc ggtgcgccac ttgtgcaggc	1560
ctthttcactc acaaattcac tactcataca cacacattta tcccatgaga ggatgcattt	1620
gccaatthta atagcgttht cgatacgagt aagcttagat ttgcacttc tttcttccct	1680
tgcggagggg cactthttctg aatgtthtcag ggacttgagg attatcctth acgaaccct	1740
gttgatgatgc ctgatggtat ttgcaaccca aatttagttc aaacttctt aatggttcat	1800
ctthttcggca ggtgggcaaa gacatcgtga agcaatttca ggatgcaatc agcagaagta	1860
accatcagat tatgatctca gccctggat atctcactth tcttgaaactg cacactctgt	1920
ttggattthaa gttctthtaag taatagcgtc catcttctgt ataacctgtg ttgcaatga	1980
tagactgaag gatttctthaa thttgaatct ttacaggta aacgacaccg ttggcacgtt	2040
ggccggaggc agattcaact togacgagga gacctgatt ggttgcatth ttggaacagg	2100
gacaaacgca tgctatgtcg aacgtgcga tgctgtacat aagtgggacg agccactgcc	2160
caaatcagga gaaatggtta togatttcgc cgcatttctc ggtthttagg cactgagca	2220
ggaaatcatg ctaacaaacg tcttcaaag ggtgatttgc tgacgatcat tgagtatatg	2280
agcagthttt tctttacatt ttgttattac gtgtggcagg ttatcaatat ggaatgggga	2340
aatttccgtt cacctacct gccacgaaca thtgctgatg agactgttga caaagacagc	2400
gtcaatccag gggaccaggc gcgaagtcta ccgagagaac tgagtgcatt aggtgttgaa	2460
ttaggttaatt ttcaagagca gacctattca cctctthtg tggtthttgt cagtggttcg	2520
agaaaatgat ctctggaatg tacctcggcg agatcgtgcg ccttgthttc gctaggatgg	2580
ccaaagaagc ggaactgtht ggtggcaatg tccccgtgaa gctcttgag cggctcacc	2640
taggttaatt ccacgtact tgcagccatt totcaatgaa ttaatctca gtaagcctaa	2700
tcgtattcgc tcttgcaaaa gcacagatca ttgatcttc actgtthtga cagcaccoca	2760
catgtthtca aaatacatct ggacaattca cctgacctcg acgtggttgc caaagthtct	2820
aaggacgtct tcgaggtgag tgcctatgag caaatgcag thcgatgaca ttgaatggaa	2880
tccgaacaat attgacacca cttgcaactg tactaagtac ttgattcatg gcccccttht	2940

ES 2 651 244 T3

```
gcagatcgaa accaccacac ttgaggaaag aaagatagta cacgaggtgt gtgacatcat 3000
gggcgagcga ggtggaaggt tggctgcagc aggtctctac ggaatcctga agaagatcgg 3060
aagaaccggc aaatctcgaa acggatccaa gaagaagacc gtgattgcaa tggacggtgg 3120
cctgttcgaa caccacgtcc gttaccggtc atacatggag gaggcgctcc aggagttgat 3180
gggttctgac gcagcgtacg aggtggcgtt gagactacag aacgatggtt ctggaatcgg 3240
tgccgctttg cttgccgctt cccactcaca cttcaaatag gataaaacgc acacaaagct 3300
tagggggatc atggcaggtg atgagcatcg cctgttttgc atgcctgtac aatattccga 3360
gtcctgatga tctgtctatc ttctgagatg caccatcgt ctgtaccatt tgtaccggt 3420
tatcgtaccg caggaagacg ccgttcttca agtcgttgtc tatctggtga ccaaaacgc 3480
agagtttcaa gctgagaggc ctagtagggg tagtgtaggc agagtcaagt tttattgtct 3540
ctggtcagtt acgtagaaca gtttgcggtt gagtctaccc atctcatcta gatctgcact 3600
gcacaccttt caataagctg gtttcacttg aggttgccgt gcgcaagcta gtatctggca 3660
cagagatgag aggttcattg ctgcgcatte tcttagcaat cctcacaatt tccgaggtga 3720
ttgtggggtg atggagctgg gcg 3743
```

<210> 74

<211> 513

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 74

```
Met Ala Ile Gly Lys Val Leu Gly Cys Ala Gly Phe Gln His Ser Ala
1          5          10          15
```

```
Val Pro Thr Leu Arg Glu Pro Val Arg Leu Arg Ala Gln Cys Arg Arg
20          25          30
```

```
Arg Gly Lys Thr Val Ser Met Ser Val Gln Lys Thr Ser Lys Thr Val
35          40          45
```

```
Gln Gln Ala Glu Lys Met Ser Gln Glu Phe Arg Gln Ser Ser Ser Thr
50          55          60
```

```
Pro Leu Pro Leu Leu His Gln Val Ala Asp Ala Leu Val Gln Glu Met
65          70          75          80
```

```
Tyr Ala Gly Leu Ala Ser Glu Gly Gly Ser Asp Gln Leu Lys Met Leu
85          90          95
```

```
Pro Thr Tyr Val Glu Asn Leu Pro Ser Gly Ser Glu Lys Gly Leu Phe
100          105          110
```

ES 2 651 244 T3

Tyr Ala Val Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu Arg Val Glu
 115 120 125
 Leu Gly Gly Lys Thr Gly Gln Ile Leu Ser Gln Glu Phe Lys Glu Val
 130 135 140
 Val Ile Pro Pro Glu Leu Met Val Gly Thr Gly Lys Asp Leu Phe Asp
 145 150 155 160
 Phe Ile Ala Gly Thr Leu Ala Ser Phe Val Asp Thr Glu Asp Glu Ser
 165 170 175
 Ile Lys Ala His Phe Val Gln Ser Gly Lys Thr Arg Glu Ser Gly Phe
 180 185 190
 Ala Phe Ser Phe Pro Val Arg Gln Thr Ser Val Lys Ser Gly Ile Val
 195 200 205
 Ile His Trp Thr Lys Gly Phe Lys Val Asp Asp Ala Val Gly Lys Asp
 210 215 220
 Ile Val Lys Gln Phe Gln Asp Ala Ile Ser Arg Ser Asn His Gln Ile
 225 230 235 240
 Met Ile Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly
 245 250 255
 Arg Phe Asn Phe Asp Glu Glu Thr Met Ile Gly Cys Ile Ile Gly Thr
 260 265 270
 Gly Thr Asn Ala Cys Tyr Val Glu Arg Ala Asp Ala Val His Lys Trp
 275 280 285
 Asp Glu Pro Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Met Glu Trp
 290 295 300
 Gly Asn Phe Arg Ser Pro Tyr Leu Pro Arg Thr Phe Ala Asp Glu Thr
 305 310 315 320
 Val Asp Lys Asp Ser Val Asn Pro Gly Asp Gln Trp Phe Glu Lys Met
 325 330 335
 Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Leu Val Leu Ala Arg
 340 345 350
 Met Ala Lys Glu Ala Glu Leu Phe Gly Gly Asn Val Pro Val Lys Leu

ES 2 651 244 T3

355 360 365
 Leu Glu Arg Leu Thr Leu Gly Thr Pro His Val Ser Lys Ile His Leu
 370 375 380
 Asp Asn Ser Pro Asp Leu Asp Val Val Ala Lys Val Leu Lys Asp Val
 385 390 395 400
 Phe Glu Ile Glu Thr Thr Thr Leu Glu Glu Arg Lys Ile Val His Glu
 405 410 415
 Val Cys Asp Ile Met Gly Glu Arg Gly Gly Arg Leu Ala Ala Ala Gly
 420 425 430
 Leu Tyr Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Thr Gly Lys Ser Arg Asn
 435 440 445
 Gly Ser Lys Lys Lys Thr Val Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu
 450 455 460
 His His Val Arg Tyr Arg Ser Tyr Met Glu Glu Ala Leu Gln Glu Leu
 465 470 475 480
 Met Gly Ser Asp Ala Ala Tyr Glu Val Ala Leu Arg Leu Gln Asn Asp
 485 490 495
 Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser His Ser His Phe
 500 505 510

Lys

<210> 75

<211> 2762

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 75

gttttttgtc atgggctctg ctctgctgcc tttgtggcga agtggcgag ctggcttctt 60
 cttctgcata ctctgcagga agcgctcgaa gctccacgaa tattgagaga gagctggaga 120
 agaagaagga attggtacta ctactactac tactactact actacggtga caatgccaat 180
 gccagaaacg tccactcttc gggacatagc gcttgtggtg aaatctgagg cgctgtcgag 240
 gaggagaatt gagtctgtga tttgcaggga gaagtgggtg ggaagtgagc gatctgaggg 300
 ggagatgatt ttatTTTTTg gtttgttcct cgtgtgagga gtgagtggtg aagggggtag 360
 agagagagag cagagaagag gagaggtttt gagtgagttt gagagagaga gagagagaga 420

gagagagaag cggggaaaga tggcgcaatc gaaagccaga gtgggagtgt gcattgcctg	480
tgcagctgcg acgtgcgctg tagcagctgt gatttgtggc cggcgctga agtttcattc	540
tcagaagtgt gctgcgcgga aaattctggt ggagtttcag gaggcacgcg acacgtctct	600
gctgcggttg cgcacgtgtg tggatgctat ggcggtgag atgcacgcg gtcttgtttc	660
ggaaggcggg agcactctca aaatgcttcc tacctacatt gatcgcttgc cagacgggaa	720
tgagcgagga ctttattatg ctgtggattt aggtggcacc aacttccgag ttctccgtgt	780
tcagctgggt ggggttagag ggagggtaat caaccaagag tatgaggaag tgcccatccc	840
tcctcatgtg atgcttgga caagtaaaca attatttgat ttatttgcca aggaattggt	900
gagctttgtg gcaagagaag gtcaggactt caggctacat gcaggtcagc agcgggaaat	960
agggtttacc ttctcatttc ctgtggacca aacggcagta aatagtggta aacttttgca	1020
gtggaccaag gggttcaaag tgaacgatgc tattggccag gatgtggttg cagcacttca	1080
gaggagcatt gaatccttag ggcacaagat gaggatatct gctttgatca atgatactgt	1140
aggaacgcta gccgcgggtc gctactggaa taatgacgtg atgatagttg ttattttggg	1200
taccgggacc aatgcctgtt acgtggagcg agctgaagct gtatcgaagt ggggtggcga	1260
gattccgaag tctggacaga tgggtataaa catggagtgg gggaatttct ggtcatcaca	1320
tttgccatag acttatgttg atgaatcctt ggataacgag agtttgaaac caggagaata	1380
cggttttgaa aagatgatct ctggaatgta tttggcgcat tgtgtgaggc gcgtgcttgt	1440
tagaatggca caacaagcag gcataatttg tccccgtgt ccacacaggc ttttggaagc	1500
tttctcactt aagacaccgg atatgtcaaa aatgcatcag gataataata acgatctaag	1560
agtggttgga gaaattctaa acagtgttta ccagattcaa aacaccacat tgggaattcg	1620
aaagattgta gtggaggttt gcgatgtggt gtgtaagaga ggtgctagac tggcaggtgc	1680
gggaattgta ggaatattga agaaaattgg aagggatgga agtgcggcga atggggttat	1740
caagcgtaac ctgtttgaac agagtacat gaatggttac catgacgacg accctatgca	1800
atatacatca gacgtgaaaa ccgttggttc tatagacggt ggtttgtatg aacactacac	1860
caagttccga gaatacatgc aagatgctgt gtttgaactt ctgggagaag catcaaagaa	1920
tgtctccata cagctttcca aagatggatc aggcattgga gcagcccttc ttgctgcatc	1980
gcacgcgag catctttctt cttgataacg atgaaaccaa ctacagtctt gtgaaatatg	2040
agtctttgct gattgaaacc tcttagttct aatgtagaa atgtgtatac caatccgtca	2100
agggggtgcg agtttagctt ctttgagacc cttggtttat cggctcgcca ttctgtaga	2160
aaggttcgct ttttttaac attaatcacg catctcggca gctcatgttt ccaagagtaa	2220
cttgggacaa cagatcccct ggctgcatac gtaagcttat ttgaatacta tggagcaact	2280
actcaaaaat ctatttgctt ttgtaaacac cttaaatcaa aggtgacgct ctttgtctgg	2340

ES 2 651 244 T3

tccagcctag agcccaatag tctagcctaa acctctgatg gctaaagttt ggacgttatg 2400
 gttttgagca ccaaacgttc tgcactgttt gcaatgctgc ttttctgtct ttcaatttgt 2460
 tgtggaagga ccaacaatgc ctgtagatac gctgggtctt cattgtccaa gtgaaacccc 2520
 aaagagctcg ttgaggtttc tatttttagtg aatgctgttg tcgtcaatgt gggctagtgt 2580
 aagtcccaaa ccgcagtatg aggatgcttg cttgcttgct atattttgag aatatggtat 2640
 gtagcatcct ctttgctctg ccaaagggtt acttgtcttc aggatcttcc ttagcagttt 2700
 aaagaatttt ggattttgtt aactaaagta gctttcatac ttaaatacct acttcaaaag 2760
 ac 2762

<210> 76

<211> 521

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 76

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

Ala Thr Cys Ala Val Ala Ala Val Ile Val Ala Arg Arg Val Lys Phe
 20 25 30

His Ser Gln Lys Cys Ala Ala Arg Lys Ile Leu Val Glu Phe Gln Glu
 35 40 45

Ala Cys Asp Thr Ser Leu Leu Arg Leu Arg Met Val Val Asp Ala Met
 50 55 60

Ala Ala Glu Met His Ala Gly Leu Val Ser Glu Gly Gly Ser Thr Leu
 65 70 75 80

Lys Met Leu Pro Thr Tyr Ile Asp Arg Leu Pro Asp Gly Asn Glu Arg
 85 90 95

Gly Leu Tyr Tyr Ala Val Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu
 100 105 110

Arg Val Gln Leu Gly Gly Leu Glu Gly Arg Val Ile Asn Gln Glu Tyr
 115 120 125

Glu Glu Val Pro Ile Pro Pro His Val Met Leu Gly Thr Ser Lys Gln
 130 135 140

Leu Phe Asp Phe Ile Ala Lys Glu Leu Val Ser Phe Val Ala Arg Glu
 145 150 155 160

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

405 410 415

Val Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Gly Ser Ala Ala Asn Gly
420 425 430

Val Ile Lys Arg Asn Leu Phe Glu Gln Ser Asp Met Asn Gly Tyr His
435 440 445

Asp Asp Asp Pro Met Gln Tyr Thr Ser Asp Val Lys Thr Val Val Ala
450 455 460

Ile Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Lys Phe Arg Glu Tyr Met
465 470 475 480

Gln Asp Ala Val Phe Glu Leu Leu Gly Glu Ala Ser Lys Asn Val Ser
485 490 495

Ile Gln Leu Ser Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala
500 505 510

Ala Ser His Ala Glu His Leu Ser Ser
515 520

<210> 77

<211> 2530

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 77

gtgagtgagt	gagtgtgtgt	gtgagtgtga	gagtgttgag	ttgtgttgct	gccgctgagt	60
ctggttgtgt	tgctcacgcg	ctgcagagtc	cgggttagcg	agagagagag	agagagcgag	120
agagctggaa	gcgagagaga	gaaggctcag	atccttggca	atgtaagcga	ggctgacatg	180
gcggatgtgt	ttcaagcgag	gttccacaaa	cataactcaa	atccggaggg	ggagaatttg	240
gtgcaagaag	cactgggaaa	gttcagttaa	agccgcggag	attaagttca	gttgttgccg	300
gtgtcgaggg	tgctcagggg	gtcgagggta	atggtgtttg	gttcggtcga	tcgtctgtgg	360
attaggaagg	aagagatact	ggcgatctgt	gaaggtgaat	ggttcgggtt	gtgaattgtg	420
ttaagcaggg	gaggggtgtt	ttgttgttgt	tgtgtgtgtg	ttgagagagc	gagagagagg	480
cagaaatggg	acaatcgaag	gtattggtag	gtgtgtacat	tgcttgcgca	gctgcggcat	540
gcgcaaccgc	agctgtggcg	gtgacgcagc	gactgaaagt	gcgagcgagc	aagtgcactg	600
cgcggaaaat	tttggtggag	tttcaggagg	cttgcgagac	gcctctgccg	cggttgcggc	660
aagttgtgga	tgctatggcc	gtcgagatgc	acgctggcct	cgtgtcggaa	ggcgggaagca	720
agcttaagat	gctgcccacc	ttcattgatc	gcttgccgaa	tgggagcgag	aagggccttt	780

attatgctgt ggacttgggt gggacaaact tccgggtgct ccgtgtccag ttgggtggat 840
tagaaggtag agtaatcaag caagagtacg aggaagttgc cattccccct gagctaatagc 900
ttggaacaag cgaacaacta ttccatttta ttgccaagga gttggctggc tttgtggcaa 960
gagaaggtag ggaattcagg ttaggcgacg gtcagtcacg ggaaataggg ttcacctttt 1020
ccttccccctg taagcaaacc gctgtaaatt ctgggactct cttgcaatgg accaagggtc 1080
tcaaagtga cgtatgcaatc ggccaagatg tggtcgcagc tcttcaaaag tgcattgaac 1140
gactaggggtg caagatgagg atcgtctgctt tggtaaacga tacagtgggt actctagctg 1200
gtggtcgcta ttggaataac gacgtgatga tagctgttat tttgggtact ggtaccaatg 1260
cctgtctacgt tgagcgggct gaatctatat cgaagtggac tggcgagctt ccgaagtctg 1320
gccagatggt gatcaatatg gagtggggaa acttttggtc atcacatttg cctcggacct 1380
atgtggatga gttattggat agcgagagcc tccatccagg agaatatggt tttgaaaaga 1440
tgattttctgg aatgtatttg ggtgattgtg tgaggcgagt gcttgtcagg atggcacaag 1500
aagctggcat cttcgggtccc catgttcttc acacactctt ggaatccttc tcgctccaga 1560
caccagaaat gtcaagaatg caccatgatg acagtagcga cctaaaagta gttgcagaag 1620
ttctgaaaag actatatgga atccagaaca caacagtagg gattcgcaaa atcgtagtgtg 1680
ctgtttgcga cactacgtgc cagcgagggg ccaggctggc agctgctggt attgtgggaa 1740
tactaaagaa aattgggaga gatggaagta cagcaaattg cttgatgagg cgaaatgata 1800
cgaatggtat ccatgacgag ctctctgtga attctacacc gggaagtgtg aagaccgttg 1860
tggctatgga cgggtggcttg tatgagcact acagcaagtt ccgaaattac atgcaagaag 1920
ctgtgcgtga gcttctaggg gacgcatcca aaaacgtctc tatagagctc tccaaggatg 1980
gctcaggcat tggggcagcc cttctagctg catcatatgc cgagtatgtg ccctcctaata 2040
acctcttgaa ctattgatta aaattccagt aggtcaaatt gttaggactg tgctttacca 2100
atgcttctat gaggtatgag tctgtttctt ttggaacatt gggttatctg gctcgtcttg 2160
tcttgataaa agcctcgtag ttcaatcatc agataattgt tctccttgtc agctcataga 2220
ctggagagtg acttagggta gtggctttct aggtagcagt caaagtatta tttgaatact 2280
ttgaaaagta tcaaaccat tcttgtgta ggacattacc ttgatacttc agccacagtt 2340
taagaagtct ggtctttttt ttagttagt agacgaggtt gtagttaatg gttgtcagca 2400
gaaatgcctt gcagtctttt agcagttgct ggctctttct tgcaatttat tgctaaacag 2460
ccttttgggg ttatactgtc ccttcacttc aatcaaaatc attttggatt cgcttttccg 2520
gacttttggc 2530

<210> 78

<211> 517

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 78

ES 2 651 244 T3

```

Met Gly Gln Ser Lys Val Leu Val Gly Val Tyr Ile Ala Cys Ala Ala
1           5           10           15

Ala Ala Cys Ala Thr Ala Ala Val Ala Val Thr Gln Arg Leu Lys Val
          20           25           30

Arg Ala Gln Lys Cys Thr Ala Arg Lys Ile Leu Val Glu Phe Gln Glu
          35           40           45

Ala Cys Glu Thr Pro Leu Pro Arg Leu Arg Gln Val Val Asp Ala Met
          50           55           60

Ala Val Glu Met His Ala Gly Leu Val Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu
65           70           75           80

Lys Met Leu Pro Thr Phe Ile Asp Arg Leu Pro Asn Gly Ser Glu Lys
          85           90           95

Gly Leu Tyr Tyr Ala Val Asp Leu Gly Gly Thr Asn Phe Arg Val Leu
          100          105          110

Arg Val Gln Leu Gly Gly Leu Glu Gly Arg Val Ile Lys Gln Glu Tyr
          115          120          125

Glu Glu Val Ala Ile Pro Pro Glu Leu Met Leu Gly Thr Ser Glu Gln
130          135          140

Leu Phe His Phe Ile Ala Lys Glu Leu Ala Gly Phe Val Ala Arg Glu
145          150          155          160

Gly Glu Glu Phe Arg Leu Gly Asp Gly Gln Ser Arg Glu Ile Gly Phe
          165          170          175

Thr Phe Ser Phe Pro Cys Lys Gln Thr Ala Val Asn Ser Gly Thr Leu
          180          185          190

Leu Gln Trp Thr Lys Gly Phe Lys Val Asn Asp Ala Ile Gly Gln Asp
195          200          205

Val Val Ala Ala Leu Gln Lys Cys Ile Glu Arg Leu Gly Cys Lys Met
210          215          220

Arg Ile Ala Ala Leu Val Asn Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly
225          230          235          240

```

ES 2 651 244 T3

Arg Tyr Trp Asn Asn Asp Val Met Ile Ala Val Ile Leu Gly Thr Gly
 245 250 255
 Thr Asn Ala Cys Tyr Val Glu Arg Ala Glu Ser Ile Ser Lys Trp Thr
 260 265 270
 Gly Glu Leu Pro Lys Ser Gly Gln Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly
 275 280 285
 Asn Phe Trp Ser Ser His Leu Pro Arg Thr Tyr Val Asp Glu Leu Leu
 290 295 300
 Asp Ser Glu Ser Leu His Pro Gly Glu Tyr Gly Phe Glu Lys Met Ile
 305 310 315 320
 Ser Gly Met Tyr Leu Gly Asp Cys Val Arg Arg Val Leu Val Arg Met
 325 330 335
 Ala Gln Glu Ala Gly Ile Phe Gly Pro His Val Pro His Thr Leu Leu
 340 345 350
 Glu Ser Phe Ser Leu Gln Thr Pro Glu Met Ser Arg Met His His Asp
 355 360 365
 Asp Ser Ser Asp Leu Lys Val Val Ala Glu Val Leu Lys Arg Leu Tyr
 370 375 380
 Gly Ile Gln Asn Thr Thr Val Gly Ile Arg Lys Ile Val Val Ala Val
 385 390 395 400
 Cys Asp Thr Thr Cys Gln Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile
 405 410 415
 Val Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Gly Ser Thr Ala Asn Gly
 420 425 430
 Leu Met Arg Arg Asn Asp Thr Asn Gly Ile His Asp Glu Leu Ser Val
 435 440 445
 Asn Ser Thr Pro Gly Ser Gly Lys Thr Val Val Ala Met Asp Gly Gly
 450 455 460
 Leu Tyr Glu His Tyr Ser Lys Phe Arg Asn Tyr Met Gln Glu Ala Val
 465 470 475 480
 Arg Glu Leu Leu Gly Asp Ala Ser Lys Asn Val Ser Ile Glu Leu Ser
 485 490 495
 Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ser Tyr Ala
 500 505 510
 Glu Tyr Val Pro Ser
 515

<211> 2087
 <212> ADN
 <213> Physcomitrella patens

5 <400> 79

gactggcgat ctcgcgacg acggttgaa gggaggtag tagctgccca gggtagaat	60
tgcttatgtc gaagtgcag attctatgat cacaacgact agaagagctt tgtaggattt	120
taacgaactc tgtttttctc tottattctt tctctgtctt caatcttttt ttcaagtgt	180
gcagccgacg ggttgagtgg tttggggatt atcttgacg ttcagacgat tgcaacatgg	240
aaaatttaaa gaattcggaa tottgcgatc caagctcttt cctacggcat tttcggaaat	300
cttccgctac gcctgtgatg ctattgcgtc atattgctca ggccatggcg accgagatgc	360
aagaggggtct tgaccatcct ggcgagcgca agctgaaaat gctccccacg tatctcgaat	420
gcttgcctac agggaatgaa agaggggtgt tttacgcat tgacttgga ggtactaact	480
tccgagtatt gcgagtacaa ctagatggga aggaagggcg catcctgaag caggaatcca	540
tacaagttcc cattcctcaa gaagtaatga ctggaagcag taaggatctt tttggcttcc	600
ttgccaaagc tattgttcaa ttctgtatcca gagaagcaga ccttggcttt gagtgtgtag	660
cactcaatca gaaacgggat ataggcttca cgttctcatt tcctgtcaat caaacaaaag	720
tcaacggagg ctctatcaac gcatggacca aaggcttttc catcagtgat ggggttggtg	780
aagatgtagt cgatcaacta gagatagctc ttgcagatat gggctcgggtg aatacgaaag	840
ttgtgtgctt ggttaatgat acagtaggga ctttggcaca gtgcagatac tggaacgatg	900
atgcaatggt gggcgtcatt ttgggcacag gatcaaatgc ctgctatgtt gagcgtgctg	960
cagccatata gtgctggagc agtcctccag aagccgatga tttgacggtt gtaaattattg	1020
aatggggcaa tttttgttct gaacttcttc ctcggaagtt tgccgatgag gggttggatg	1080
cagatagttt gaatcctggt caacaggaat tcgagaaaat gatcggcgggt atgtacttgg	1140
gtgaaattct tcgccgtgtg ctgctcaaga tggccgaaga tacaggcctg ttcggctcgg	1200
aaattccaga aagactgacg aagcctttca gccttctgac tcctcacatg tcgacaatgc	1260
acggtgatga tacttctagc ttggaagtgg tgggttctgt gattgaagaa gccattgggg	1320
tgaaatatac aacgctagct acacggaaaag tcgtgtacga cgtgtgtgac atcattgcgg	1380

aaagaggtgc tgcactctca gctgcagga ttgtggaat cctgacgaag attaacagat 1440
gtggagattt aatgctcagt tgcctcacta caccaaacga cactgaagta aaaaagacag 1500
ttattgccat agacggtagt ttatatgaga agtaccctaa gtttcggaac tacatggaag 1560
acgccatgaa ggagatgttg ggcgaagact atgccaacaa tgtgacaact acactatcca 1620
aagacgggtc gggagttgga gccgcgcttc ttgcagccgc tatttctact gagctacgat 1680
tgggcgacgt tggagtcacc aagtgataga aaggacattg ttagatacat cctgtacatt 1740
gcgtaaaggt caggcaccct ctaatctgaa caatgcttta gttgagttaa agtgagcgcc 1800
attttacacc gtctaggatt gaacatgccg gagctgtttg agcgggaaaa aattggtcag 1860
agttctgatg accacaggaa agaagtcag catgtaatgt gggttaatgc gcaatggta 1920
catcaaacag gactgtttat gtacgtaatg tgcacttcca gctgcggatt ttcagctgaa 1980
gtgcagtcac agctgatggc ctacatcaca aaagtgaacc cttgaagtta ccgcaagtat 2040
taatgttgaa gcttgagtat ctaactcagc aagtatcttc ttctctt 2087

<210> 80

<211> 489

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 80

Met Glu Asn Leu Lys Asn Ser Glu Ser Cys Asp Pro Ser Ser Phe Leu
1 5 10 15

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

Ile Ala Gln Ala Met Ala Thr Glu Met Gln Glu Gly Leu Asp His Pro
35 40 45

Gly Glu Arg Lys Leu Lys Met Leu Pro Thr Tyr Leu Glu Cys Leu Pro
50 55 60

Thr Gly Asn Glu Arg Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Asp Leu Gly Gly Thr
65 70 75 80

Asn Phe Arg Val Leu Arg Val Gln Leu Asp Gly Lys Glu Gly Arg Ile
85 90 95

Leu Lys Gln Glu Ser Ile Gln Val Pro Ile Pro Gln Glu Val Met Thr
100 105 110

Gly Ser Ser Lys Asp Leu Phe Gly Phe Leu Ala Lys Thr Ile Val Gln
115 120 125

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gly Ile Val Gly Ile Leu Thr Lys Ile Asn
385 390 395 400

Arg Cys Gly Asp Leu Met Leu Ser Cys Leu Thr Thr Pro Asn Asp Thr
405 410 415

Glu Val Lys Lys Thr Val Ile Ala Ile Asp Gly Ser Leu Tyr Glu Lys
420 425 430

Tyr Pro Lys Phe Arg Asn Tyr Met Glu Asp Ala Met Lys Glu Met Leu
435 440 445

Gly Glu Asp Tyr Ala Asn Asn Val Thr Thr Thr Leu Ser Lys Asp Gly
450 455 460

Ser Gly Val Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala Ala Ile Ser Thr Glu Leu
465 470 475 480

Arg Leu Gly Asp Val Gly Val Thr Lys
485

<210> 81

<211> 2177

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 81

gcgattaagg gaagaagcaa ccggagcgat gtcgatgacg gtggagcgcg tttcgctctt	60
ttcgcgaggg gcgggggtga cgatgcatgg cctgctgagc gcgaggggtgc aatgcgtgag	120
gtctccatgg tgggggctgc ccaaagtcgc tggggcgacg ccgaatgcga acaggggtgt	180
gcgagtgcac aatgcagatc gggttggtgca cgggttgctg ctggccgctg cgactccgct	240
cccgtgctg cgccaagtgg cggatgctct ggtgggagaa atgtgcgctg ggctggagga	300
ggaagggggc agcgatcagc tcaagatgct gccatcgtag gtcgagaatt tgcccactgg	360
ggatgaggaa gggtgtgttt acgctgtaga ccttggtggc acaaattttc gggtattgct	420
attacatttg ggcgggaaag gccaaagtct gagccaagag tccaaggaga ttgccatacc	480
tcgcgaactt atgggtggga ctggcaagga tcttttcgac ttcatgcca atacgcttgc	540
cacatttgct gacacggagg acattctgct tgattcaaag tccaacaagc acaggaagc	600
cgggtttgct ttttcttttc ccgttcgtca aacatcagta aaatctggca atgtcattca	660
atggacaaa ggcttttaaa tcgatgatgc gataggcaaa gacattgtga agcagttcca	720
ggatgcgatt agtcgcagtg gtcacgatgt tgaaatttct gccttggtga acgatactgt	780
cgggtacatta gccggaggta ggtataactt tcaggaagag acaatgatcg gttgcatact	840

ES 2 651 244 T3

```

tggcacaggg acaaatgctt gttacgtgga acgagctgat gctgtgaaga aatggaaaga      900
ggcacttccc aaatcagggg agatggcat caacttagag tggggaaatt ttcgatcacc      960
ttggctgccg cgcacatttg ctgatgatga ggtcgacaaa gaaagtgtaa accccggaga     1020
ccagtggttt gaaaaaatgg tgtcagggcat gtaccttggc gaaatcgtac gacacatgct     1080
gctgaggctt gctgaagagg caacgttggt tggggacact gtccccgaaa aactcagaga     1140
acaacagtct cttgaaacca aacatgtttc taaaatccat gctgacattt catcggagct     1200
ccaaacagta gcgactgttc ttcacgaagt tctcaggatc catgacacca ctctcgaaca     1260
gcggaggatt gtgcacagct tatgcgacat ggttgccag cggggtggaa ggttggtgc      1320
tgcaggactc tacgggatac tgaaaaaat tggtagagct ggaccaaaca agaatggctt     1380
cgccttatct cgacagaaga agacgacggt ggtggcaatg gatggaggtc tttatgaaca     1440
ccaccaccgc taccggaaat acatggagga cgctctccaa gagttggtcg gcacaaacgg     1500
accctacgag gtgtttttaa gactacaaaa tgacggttca ggaattggag cggcattgct     1560
tgccgcctct cactctcgac acagacaaac cgagtagcga ggcagacgac tcgtcatctg     1620
gctacctctg tagagtgggt tgaataccgc gaatgtgttc ccgaaaagcc agcaatttct     1680
acttagactt catcatatct gggaataagg agctgaactg accaggaaat caacaatttt     1740
ccctttggaa ttcctttttg atcggctctt gtggcggttg catcgcggtg aagacgatag     1800
aggtaatcct ctacctcggc aagcattgat atcttcagc acctacacta gtcatatgtc     1860
gcacctgctg gataagatca gagtaacgtg tagaggggtt tggactttac actggaggcg     1920
tagcatggct gtagacgggg cgttgagtgc ttctacctgt ccagctaggt aagtaaattg     1980
tatctctctg agacgtgtct tggttgtgct acacagatca gaagaggctc gcatagacaa     2040
ttgatggaca catgtaaacc cgtagaacia ggcacgtcga actctttcta gcaacctaata     2100
ccaaataatt actatctaga tttgttcgcg aacatttgta aaatatactt ttaaacgatg     2160
gaggaaaagt caaaaac                                     2177

```

<210> 82

<211> 522

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 82

```

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

```

```

Val Thr Met His Gly Leu Leu Ser Ala Arg Val Gln Cys Val Arg Ser
20          25          30

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Trp Lys Glu Ala Leu Pro Lys Ser Gly Glu Met Val Ile Asn Leu Glu
290 295 300

Trp Gly Asn Phe Arg Ser Pro Trp Leu Pro Arg Thr Phe Ala Asp Asp
305 310 315 320

Glu Val Asp Lys Glu Ser Val Asn Pro Gly Asp Gln Trp Phe Glu Lys
325 330 335

Met Val Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg His Met Leu Leu
340 345 350

Arg Leu Ala Glu Glu Ala Thr Leu Phe Gly Asp Thr Val Pro Glu Lys
355 360 365

Leu Arg Glu Gln Gln Ser Leu Glu Thr Lys His Val Ser Lys Ile His
370 375 380

Ala Asp Ile Ser Ser Glu Leu Gln Thr Val Ala Thr Val Leu His Glu
385 390 395 400

Val Leu Arg Ile His Asp Thr Thr Leu Glu Gln Arg Arg Ile Val His
405 410 415

Ser Leu Cys Asp Met Val Gly Gln Arg Gly Gly Arg Leu Ala Ala Ala
420 425 430

Gly Leu Tyr Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Ala Gly Pro Asn Lys
435 440 445

Asn Gly Phe Ala Leu Ser Arg Gln Lys Lys Thr Thr Val Val Ala Met
450 455 460

Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His His His Pro Tyr Arg Lys Tyr Met Glu
465 470 475 480

Asp Ala Leu Gln Glu Leu Val Gly Thr Asn Gly Pro Tyr Glu Val Phe
485 490 495

Leu Arg Leu Gln Asn Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala
500 505 510

Ala Ser His Ser Arg His Arg Gln Thr Glu
515 520

<210> 83

<211> 1569

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 83

ES 2 651 244 T3

```

atgagagcaa tggcgatcgg gtcgggtgctg ggttgtgtcg ggttgcagtt ctccgcagtg      60
ccgacgtttc atgggatcggg ggtggcgagt ccgaagatga ggacgcaatg cagagcttgg      120
cgggaaacta tgtccatgtc ggttcagcag ccgtcgaaac ggggccagcg tgcagagacg      180
ttgctgcatg acttccgtcg gtcgtccgcc actccccttc ctcttctgca cctggtggcg      240
gatgctctcg tgcacgagat gtacgctgga ttggtctcag aaggggggag tgatcagctg      300
aagatgctcc caacgtacgt cgaggagtig ccttctggga gtgaaaagg gctgttctac      360
gccgtggact tgggggggac aaactttcgc gttctaaggg tgcaattagg cggccacact      420
ggtgagattt tgagtcagga gttcaaggag gtggccatac ctccagagct catggtgggc      480
accggaagg atcttttcga cttcattgcg ggtacgctcg cgtcatttgt cgacaccgaa      540
gacgagtcac tgaaagccca ctttgctcag tcgggcaaag tcagggaatc cggcttcgcg      600
ttctcctttc ctgttcgcca gacgtctgtc aaatccggca ttgtcatcca ctggaccaag      660
ggcttcaaag ttgacgatgc ggtgggcaaa gatatcgtga aacagttcca ggatgcaatc      720
agcaggagtg gtcacagat tgcgatttca gccctgggtga acgacaccgt cggtaacctg      780
gccggaggca ggttcaactt tgaggaggag accatgattg gctgcatcat tgggacaggc      840
acgaacgcgt gctacgtgga acgtgctgat agtgttcaaa agtgggcgga tccactgccg      900
aatcaggac agatggtgat caacatggaa tgggtaatt ttcattcacc cttcctgcca      960
cgcacatttg ctgacgacat tgttgacaaa gacagcgtaa accctggaga ccagtggttt     1020
gagaaaatga tatctgggat gtacctggc gagatcgtgc gtctcgtgct tgcgaggatg     1080
gctgaagaag cgcagttggt tgggtggcagc cccccgccca agctggttga gaaactcagc     1140
ctcggcacc cccatgtttc gaagatgcat gctgacgctt caccggattt gcaagtcgtt     1200
gccgaagttc tggaggacgt ctacgggatc gaaaccacca cgctcgagga gaggaagatt     1260
gtacgcgagg tgtgtgacat cttgggcaaa cgaggaggaa ggctagctgc agcaggtctt     1320
tacggcatac tgaagaagat aggcagaacg gagagatctc agaacggatt ccaacaaaag     1380
aagaagacgg tgattgcaat ggacggaggt ctgttcgagc atcacgagcc ttaccgggac     1440
tacatggagg aggcactcca cgagttgatg ggctccgaag ccctttacga ggtgtcttta     1500
aggctgcaaa acgatgggtc cgggtgtaggt gctgcgttgc ttgctgcttc ccattcacia     1560
tttaaatag                                     1569

```

<210> 84

<211> 522

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 84

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

Ser Arg Ser Gly His Gln Ile Ala Ile Ser Ala Leu Val Asn Asp Thr
245 250 255

Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Phe Asn Phe Glu Glu Glu Thr Met
260 265 270

Ile Gly Cys Ile Ile Gly Thr Gly Thr Asn Ala Cys Tyr Val Glu Arg
275 280 285

Ala Asp Ser Val Gln Lys Trp Ala Asp Pro Leu Pro Lys Ser Gly Gln
290 295 300

Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly Asn Phe His Ser Pro Phe Leu Pro
305 310 315 320

Arg Thr Phe Ala Asp Asp Ile Val Asp Lys Asp Ser Val Asn Pro Gly
325 330 335

Asp Gln Trp Phe Glu Lys Met Ile Ser Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile
340 345 350

Val Arg Leu Val Leu Ala Arg Met Ala Glu Glu Ala Gln Leu Phe Gly
355 360 365

Gly Ser Pro Pro Ala Lys Leu Leu Glu Lys Leu Ser Leu Gly Thr Pro
370 375 380

His Val Ser Lys Met His Ala Asp Ala Ser Pro Asp Leu Gln Val Val
385 390 395 400

Ala Glu Val Leu Glu Asp Val Tyr Gly Ile Glu Thr Thr Thr Leu Glu
405 410 415

Glu Arg Lys Ile Val Arg Glu Val Cys Asp Ile Leu Gly Lys Arg Gly
420 425 430

Gly Arg Leu Ala Ala Ala Gly Leu Tyr Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly
435 440 445

Arg Thr Glu Arg Ser Gln Asn Gly Phe Gln Gln Lys Lys Lys Thr Val
450 455 460

Ile Ala Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu His His Glu Pro Tyr Arg Ala
465 470 475 480

Tyr Met Glu Glu Ala Leu His Glu Leu Met Gly Ser Glu Ala Leu Tyr
485 490 495

Glu Val Ser Leu Arg Leu Gln Asn Asp Gly Ser Gly Val Gly Ala Ala
500 505 510

Leu Leu Ala Ala Ser His Ser Gln Phe Lys
515 520

5 <210> 85
<211> 2446
<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 85

gttttatagc aaagagtgtg tgtgtgggcg tgcatgtatg tgtgtgtgtg cttctgtgct	60
tggaagtgaa gcgtgctgga agcattccaa ccttcacgag attgagagcc ggaaggaagg	120
gattggaacc gattgatggc aatgtgagtg gcgcctggcc atggcggatg cgttcaaggc	180
gaggtacagc agcggagctc agattcggac agggaaaatt cggagcggtg agggggagga	240
aaattatttg tagagggaga ggagtattt cggaggaagg aggtcattga ttgattgatt	300
gattgattga ttgcgagact ttttagaaga ggtgaggagg cgaagaaagt gagcttttat	360
ttttatttgt gtgtgtgtga gagagaggga ggggtagaga cagaggagag gaaaaatgac	420
acaatcgaag gtaatgacgg gcgtgtacat cgctgcgca gctgcggcgt gcgctgctgc	480
ggctgtgatt gtatcacggc gcttgaagg tcatcacag aaatgactg cgcggaaaat	540
tctgtggag tttcaggagg cctgttacac gcctttggcg cgcctgcgcc aggtggtgga	600
tgctatggcg gtcgagatgc acgctggtct tgtttcggaa ggtggaagca aacttaagat	660
gcttcccacc tacattgatc gcttgcctga cgggcattgag aggggtctat actatgctgt	720
ggatttgggt ggtaccaact tccgagtact ccgcgttcaa ttgggtggac tggagggtag	780
ggtgatcaaa caagagtatg aggaagtggc tattcctcct gagctcatgc ttggaacaag	840
tgaacagttg tttgatttca ttgccaaagga gttggtgagt tttgtagcaa ggggaaggtca	900
ggacttcaga ttgcatgctg gtcaaaatcg agaaatagga tttacttttt cattccccgt	960
gaagcaaact gcagtgaact ctggcactct tctgcagtgg actaaaggt tcaaagtgaa	1020
cgatgctgtt ggcgaggatg tagttgcagc gcttcagagg ggtattgagc gaagagggtg	1080
caagatgagg attgctgctt tgggtcaacga taccgtagga accctagctg gcggacggta	1140
ttggaacaat gacgtaatga taggtgttat cttgggtact gggaccaacg cctgctatgt	1200
ggagagagct gaagctgtat cgaagtgggc tggcgacatt ccaaagtccg gggagatggt	1260
tataaacatg gagtggggga atttctggtc atctcacttg cctcggacct atgtggatga	1320
gtcattggac aacgagagtt tgaatccagg agaatatggt ttcgagaaaa tgatctctgg	1380
aatgtatttg ggtgattgtg tgaggcgcgt gcttgtaga atggcacaag aagcctgcat	1440

5

ES 2 651 244 T3

```

ttttggcacc cctgtccac acaagctttt ggaagcattt tctcttatga ctccagacat 1500
gtcgaataatg catcatgatg atagttctga tttaaagggtg gttgctgaag ttctgaaaag 1560
agtttacggg atccagaaca ctacagtagg aatccgcaaa atcgttggtg cagtttgtga 1620
tacggtgtgc cagcgagggg caagactagc tgctgctggc attgtgggaa tattgaagaa 1680
aattggaaga gatggaagtg cggcaaatgg tgttattaag cggaatacct tcgaacagag 1740
tgatatgaat ggttttcatg acgaagttcc tgtgcattac acatcgggcg gcagaactgt 1800
tgtggctatg gacggtggtt tgtatgaaca ctacaccaag ttctgaaact acatgcaaga 1860
agctgtggtc gagctcctag gagaaggatc taagaacgtc gtcattgagc tttctaaaga 1920
cggatcagggc attggagcag ctcttcttgc tgcacacat gcagagtacg tcatttcctg 1980
ataatgatga gaaaaactac attgtcttat gaaacctgag gctttgttga ttagaaattc 2040
ttagttctga tcgtgagggc tgtgtacttg actaatgcat caaggatgta cgagtttgct 2100
tcttttgaag cacatggttt gttggctcgt catttctcct gtataaagtc tcttcagtct 2160
tcattcattag ttatcctcat agtttcgaga gtcactcagg acgttacatt tcttggtaac 2220
aaattaggtt ttatttgagt actttggagc aagtactcaa gcgattttct tctgtacatc 2280
gtcttgaaac aaaggtcact tcttaagtct ggtccagcat agagcggaat agttctgtac 2340
taatcaacct ctggtaccca agggttggag gcaatgcttt tcagcataaa atgtttgcag 2400
tcttctactg cgactgttca attctaaact tctgttttgg aaggtc 2446

```

<210> 86

<211> 521

5 <212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 86

```

Met Thr Gln Ser Lys Val Met Thr Gly Val Tyr Ile Ala Cys Ala Ala
1           5           10           15

```

```

Ala Ala Cys Ala Ala Ala Ala Val Ile Val Ser Arg Arg Leu Lys Val
20           25           30

```

```

Arg Ser Gln Lys Cys Thr Ala Arg Lys Ile Leu Leu Glu Phe Gln Glu
35           40           45

```

```

Ala Cys Tyr Thr Pro Leu Ala Arg Leu Arg Gln Val Val Asp Ala Met
50           55           60

```

```

Ala Val Glu Met His Ala Gly Leu Val Ser Glu Gly Gly Ser Lys Leu
65           70           75           80

```

10 Lys Met Leu Pro Thr Tyr Ile Asp Arg Leu Pro Asp Gly His Glu Arg

ES 2 651 244 T3

85								90								95							
Gly	Leu	Tyr	Tyr	Ala	Val	Asp	Leu	Gly	Gly	Thr	Asn	Phe	Arg	Val	Leu								
			100					105					110										
Arg	Val	Gln	Leu	Gly	Gly	Leu	Glu	Gly	Arg	Val	Ile	Lys	Gln	Glu	Tyr								
		115					120					125											
Glu	Glu	Val	Ala	Ile	Pro	Pro	Glu	Leu	Met	Leu	Gly	Thr	Ser	Glu	Gln								
		130					135					140											
Leu	Phe	Asp	Phe	Ile	Ala	Lys	Glu	Leu	Val	Ser	Phe	Val	Ala	Arg	Glu								
145						150				155						160							
Gly	Gln	Asp	Phe	Arg	Leu	His	Ala	Gly	Gln	Asn	Arg	Glu	Ile	Gly	Phe								
				165					170					175									
Thr	Phe	Ser	Phe	Pro	Val	Lys	Gln	Thr	Ala	Val	Asn	Ser	Gly	Thr	Leu								
			180					185					190										
Leu	Gln	Trp	Thr	Lys	Gly	Phe	Lys	Val	Asn	Asp	Ala	Val	Gly	Glu	Asp								
		195					200					205											
Val	Val	Ala	Ala	Leu	Gln	Arg	Gly	Ile	Glu	Arg	Arg	Gly	Tyr	Lys	Met								
		210					215					220											
Arg	Ile	Ala	Ala	Leu	Val	Asn	Asp	Thr	Val	Gly	Thr	Leu	Ala	Gly	Gly								
225					230					235					240								
Arg	Tyr	Trp	Asn	Asn	Asp	Val	Met	Ile	Gly	Val	Ile	Leu	Gly	Thr	Gly								
				245					250					255									
Thr	Asn	Ala	Cys	Tyr	Val	Glu	Arg	Ala	Glu	Ala	Val	Ser	Lys	Trp	Ala								
			260					265					270										
Gly	Asp	Ile	Pro	Lys	Ser	Gly	Glu	Met	Val	Ile	Asn	Met	Glu	Trp	Gly								
		275					280					285											
Asn	Phe	Trp	Ser	Ser	His	Leu	Pro	Arg	Thr	Tyr	Val	Asp	Glu	Ser	Leu								
		290				295					300												
Asp	Asn	Glu	Ser	Leu	Asn	Pro	Gly	Glu	Tyr	Gly	Phe	Glu	Lys	Met	Ile								
305					310					315					320								
Ser	Gly	Met	Tyr	Leu	Gly	Asp	Cys	Val	Arg	Arg	Val	Leu	Val	Arg	Met								
				325					330					335									

ES 2 651 244 T3

Ala Gln Glu Ala Cys Ile Phe Gly Thr Pro Val Pro His Lys Leu Leu
340 345 350

Glu Ala Phe Ser Leu Met Thr Pro Asp Met Ser Lys Met His His Asp
355 360 365

Asp Ser Ser Asp Leu Lys Val Val Ala Glu Val Leu Lys Arg Val Tyr
370 375 380

Gly Ile Gln Asn Thr Thr Val Gly Ile Arg Lys Ile Val Val Ala Val
385 390 395 400

Cys Asp Thr Val Cys Gln Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile
405 410 415

Val Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Gly Ser Ala Ala Asn Gly
420 425 430

Val Ile Lys Arg Asn Thr Phe Glu Gln Ser Asp Met Asn Gly Phe His
435 440 445

Asp Glu Val Pro Val His Tyr Thr Ser Gly Gly Arg Thr Val Val Ala
450 455 460

Met Asp Gly Gly Leu Tyr Glu His Tyr Thr Lys Phe Arg Asn Tyr Met
465 470 475 480

Gln Glu Ala Val Val Glu Leu Leu Gly Glu Gly Ser Lys Asn Val Val
485 490 495

Ile Glu Leu Ser Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Leu Leu Ala
500 505 510

Ala Ser His Ala Glu Tyr Val Ile Ser
515 520

<210> 87

<211> 1829

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 87

actggttcgt gttccagtgt tgacgttcga tgaagtcgat gttttgagga ttcgaagggt	60
aatacattgg cgatctgcgg gaggtgagtg ttttgtgagg gttggagttg aggcaaggag	120
agaaggaagg aaggcaggaa gggagaacag ttttgtgagg aggagagaga tggggcaatc	180
gaaagcaatg gcgggggtgt atatcgctg tgacagctgc gcgtgcgctg ctgcagctgt	240
ggtgttgacg cagcgagtga aagtcgcatc gcaaaaagtac acagcgcgga aaattttagt	300

ES 2 651 244 T3

```

ggagtttcag gaggtttgtg agacgcctct gccgcggttg aggcaggttg tggatgctat 360
ggcagtcgag atgcatgctg gtcttgtttc ggaaggtggt agcaagctta agatgctgcc 420
tacatttatt gaccacttgc cagacgggaa tgagaaaggc ctttattatg ctgtggattt 480
gggtggcaca aacttccggg tgctccgtac ccaattgggt gggctggagg gtagagtaat 540
taaacaagaa tatgaggagg ttgccattcc tcctgagctg atgcttggaa caagcgaaca 600
attgtttgat tttattgcc aaggattggt tagctttgtg gcaagagaag gtgaggattt 660
tagattgcac gaaggtcagt cacgggagat agggttcacc ttttcctttc cctgtaagca 720
aaccgctgtg aactctggta ctctcttgca gtggaccaag ggctttaaag tcaacgatgc 780
aatcgccag gatgtggttg cagctctaca agggagcatt gaacggcgag ggtacaagat 840
gaggattgct gctttggta acgacacggt aggaactcta gctgggtggtc gctattggaa 900
taacgacgtc atgatagctg ttattttggg tactggcacc aacgcctgct atgtggagcg 960
agctgaatct atatcgaagt ggggtggcga gcttccgaag tctggccaga tggatgacaa 1020
tatggagtgg gaaaattttt ggtcgtcaca ttgctcgtg acctacgtgg acgagctatt 1080
ggataacgag agtctgaatc caggagaata cggcttcgag aaaatgattt cgggaatgta 1140
tttgggtgat tgtgtgaggc gtgtacttgt tagaatggct cagcaagctg gcatcttcgg 1200
tccccatgtt ccacacaagc tcttggaagc cttcacactt caaacaccag atatgtcgaa 1260
aatgcatcat gatgacagta gtgacctcaa aatggttgca gaagttctga agacagtata 1320
tgggatccat aacacaacac tggggattcg caaaattgta cttgctgttt gcgatattgt 1380
gtgccagcga ggggccagat tagcagctgc tggatttgtg ggaatattaa agaaaattgg 1440
aagggtatgga agtacagcaa atggttttat caggcgaaat gacgtgaatg gtattcacga 1500
tgagctcacc gtgaattcca ttgggggaag cgggaaaacc gtcgtggcta tggacggtgg 1560
tttgtatgag cactacagta agttccggaa ctacatgcaa caagctgtac gtgaactcct 1620
aggggacgca gccaaaaacg tcttcataga gctttcgaag gatggctcag gcattggagc 1680
agccattcct gctgcatcac atgccagta tgtaccaacc taatatcaac ccgataccgc 1740
ttaaattaat aacatttaat tatggaaccc aaggccttgt tgattaaaac cctttagttc 1800
ttatcgtag gactgtactc tacttatgc 1829

```

<210> 88

<211> 517

5 <212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 88

```

10 Met Gly Gln Ser Lys Ala Met Ala Gly Val Tyr Ile Ala Cys Ala Ala
    1           5           10           15

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

260 265 270
 Gly Glu Leu Pro Lys Ser Gly Gln Met Val Ile Asn Met Glu Trp Gly
 275 280 285
 Asn Phe Trp Ser Ser His Leu Pro Arg Thr Tyr Val Asp Glu Leu Leu
 290 295 300
 Asp Asn Glu Ser Leu Asn Pro Gly Glu Tyr Gly Phe Glu Lys Met Ile
 305 310 315 320
 Ser Gly Met Tyr Leu Gly Asp Cys Val Arg Arg Val Leu Val Arg Met
 325 330 335
 Ala Gln Gln Ala Gly Ile Phe Gly Pro His Val Pro His Lys Leu Leu
 340 345 350
 Glu Ala Phe Thr Leu Gln Thr Pro Asp Met Ser Lys Met His His Asp
 355 360 365
 Asp Ser Ser Asp Leu Lys Met Val Ala Glu Val Leu Lys Thr Val Tyr
 370 375 380
 Gly Ile His Asn Thr Thr Leu Gly Ile Arg Lys Ile Val Leu Ala Val
 385 390 395 400
 Cys Asp Ile Val Cys Gln Arg Gly Ala Arg Leu Ala Ala Ala Gly Ile
 405 410 415
 Val Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Gly Ser Thr Ala Asn Gly
 420 425 430
 Phe Ile Arg Arg Asn Asp Val Asn Gly Ile His Asp Glu Leu Thr Val
 435 440 445
 Asn Ser Ile Gly Gly Ser Gly Lys Thr Val Val Ala Met Asp Gly Gly
 450 455 460
 Leu Tyr Glu His Tyr Ser Lys Phe Arg Asn Tyr Met Gln Gln Ala Val
 465 470 475 480
 Arg Glu Leu Leu Gly Asp Ala Ala Lys Asn Val Phe Ile Glu Leu Ser
 485 490 495
 Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ala Ile Leu Ala Ala Ser His Ala
 500 505 510
 Glu Tyr Val Pro Thr
 515

5 <210> 89
 <211> 1929
 <212> ADN
 <213> Physcomitrella patens

10 <400> 89

gctcttgata atggctgggtg gactatgacg atattctgat gttacgattg cggtcctaga 60
 gtagtaaadc aagaagggag gattcaatta tggaaaggaa catggagggtc ctctagcgag 120
 caacaagctt gtgcaggata gcttgctcgag aacatcccct gatggcagat aataaggcgt 180
 ggattaacgc cctcacagca ggtacggcag tgggtgctgt tggcactgtt gtttgtgtgt 240
 ggcagaggat gcaggggagc acacaaacaa cgagaactac tcgccaccaa gcgctcgggc 300
 ttttacatga atttcagcat gctgcagcga cccctctgta cgttttgca cagatctcgg 360
 agcacatggc gtagagatg cgtgccggcc taatgacaga gggcaagagc agcctgctca 420
 tgctgccaac tttcgtggaa aatcttcggc acggaaatga gacagggtctg ttctacgcct 480
 tggatttagg cgaaccaaac tttcgggttc tgcgctgtct ccttggggga agagaaggca 540
 gagtactgaa acaggagtag gaggaggtcc ctattcccaa aatactcatg tttggcacia 600
 gtgaggaact tttcgacttc atagccaaga agctggtcga cttcgtcaac cgagaggggg 660
 atgagtacaa gccgcgcgtt ggccgacaac aaacagtccg cgaactcggg ctgacgtttt 720
 ctttccctgt gaagcaaaca tcagtaagat ctggtgttct catccagtgg agcaaaggct 780
 tcttagttgc tgacgggggtt ggagcagatg tgggtggcgt gttgcagcgt gcgatcaatc 840
 gccagcatgg accaaagatt gaggtggttg tgctggtgaa cgacacggtg ggcactttgg 900
 caggagggcg ctattggaac gaagatgcga tgggtgggat gattctgggg acaggtacca 960
 acgcttgcta tgtggagcgt gatctgcctg cccatgccaa ttccagcacg ggtgaaatgg 1020
 ttatcaacat ggagtgggct gggttctggt cgtcacatct gccacgcact tatgccgatg 1080
 agcagcttga cagtgagagc gtcaaccctg gtcaagcggg attcgagaaa atgattggag 1140
 gcatgtactt gggagaaatc gtccgtcgtg tattgttcaa aatggcgggg gaggtcgtgt 1200
 tgttcgggga tgaaataccg cacaattga aagagccgtt tgtcttaatg acttcggaga 1260
 tgtcgaaaat gcatgctgat gaatccagcg acttacgggt ggtgggcaca attttgagag 1320
 atgtgtttgg gattcaaaaa accgagttgc ctacgcgtag gattgtgcac gacgtgtgcg 1380
 aactgtaac cttgcgcagt gcaaggctgg cggcagctgg aattgtgggc atcttcaaga 1440
 aaattggcgg ggactcgtgg gactccccac atctgagcgg gacctccaaa gcagtccacc 1500
 accactcccg agtgactagc acaggagtag gagccggaaa gaccatggtg gccatggacg 1560
 gaggactcct cgagcattac atccagtacc ggatctacat gcaagccgct gttagtgage 1620
 tactgagtga agccgcagcg agtcgcctgg tgatccagtt ggctaaagat ggatctggta 1680
 ttggagcgag cattcttgca gcctgtcact ccaagtacag gtaacaggta ctcgatcagt 1740
 catatgctga gctgatgatg cttttccgga gctgagtgct cagccaattg aatctctatg 1800
 ctttgcaaca cccccacac tcgcagacag tcaaatttct ttttggtcgt ggtgctgaat 1860
 atcataagta gttggcaaaa cgaatgtgcg tttctcattc accaagagag tgcgttatcc 1920
 atccttgaa 1929

- 5 <210> 90
 <211> 520
 <212> PRT
 <213> Physcomitrella patens

ES 2 651 244 T3

<400> 90

Met Ala Asp Asn Lys Ala Trp Ile Asn Ala Leu Thr Ala Gly Thr Ala
1 5 10 15

Val Val Ala Val Ala Thr Val Val Cys Val Trp Gln Arg Met Gln Gly
20 25 30

Ser Thr Gln Thr Thr Arg Thr Thr Arg His Gln Ala Leu Gly Leu Leu
35 40 45

His Glu Phe Gln His Ala Ala Ala Thr Pro Leu Tyr Val Leu Arg Gln
50 55 60

Ile Ser Glu His Met Ala Val Glu Met Arg Ala Gly Leu Met Thr Glu
65 70 75 80

Gly Lys Ser Ser Leu Leu Met Leu Pro Thr Phe Val Glu Asn Leu Pro
85 90 95

Asp Gly Asn Glu Thr Gly Leu Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr
100 105 110

Asn Phe Arg Val Leu Arg Cys Leu Leu Gly Gly Arg Glu Gly Arg Val
115 120 125

Leu Lys Gln Glu Tyr Glu Glu Val Pro Ile Pro Lys Ile Leu Met Phe
130 135 140

Gly Thr Ser Glu Glu Leu Phe Asp Phe Ile Ala Lys Lys Leu Val Asp
145 150 155 160

Phe Val Asn Arg Glu Gly Asp Glu Tyr Lys Pro Arg Gly Gly Arg Gln
165 170 175

ES 2 651 244 T3

Gln Thr Val Arg Glu Leu Gly Leu Thr Phe Ser Phe Pro Val Lys Gln
 180 185 190
 Thr Ser Val Arg Ser Gly Val Leu Ile Gln Trp Ser Lys Gly Phe Leu
 195 200 205
 Val Ala Asp Gly Val Gly Ala Asp Val Val Ala Leu Leu Gln Arg Ala
 210 215 220
 Ile Asn Arg Gln His Gly Pro Lys Ile Glu Val Val Val Leu Val Asn
 225 230 235 240
 Asp Thr Val Gly Thr Leu Ala Gly Gly Arg Tyr Trp Asn Glu Asp Ala
 245 250 255
 Met Val Gly Met Ile Leu Gly Thr Gly Thr Asn Ala Cys Tyr Val Glu
 260 265 270
 Arg Asp Leu Pro Ala His Ala Asn Ser Ser Thr Gly Glu Met Val Ile
 275 280 285
 Asn Met Glu Trp Ala Gly Phe Trp Ser Ser His Leu Pro Arg Thr Tyr
 290 295 300
 Ala Asp Glu Gln Leu Asp Ser Glu Ser Val Asn Pro Gly Gln Ala Gly
 305 310 315 320
 Phe Glu Lys Met Ile Gly Gly Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg
 325 330 335
 Val Leu Phe Lys Met Ala Gly Glu Ala Ala Leu Phe Gly Asp Glu Ile
 340 345 350
 Pro His Lys Leu Lys Glu Pro Phe Val Leu Met Thr Ser Glu Met Ser
 355 360 365
 Lys Met His Ala Asp Glu Ser Ser Asp Leu Arg Val Val Gly Thr Ile
 370 375 380
 Leu Arg Asp Val Phe Gly Ile Gln Lys Thr Glu Leu Pro Thr Arg Arg
 385 390 395 400
 Ile Val His Asp Val Cys Asp Thr Val Thr Leu Arg Ser Ala Arg Leu
 405 410 415
 Ala Ala Ala Gly Ile Val Gly Ile Phe Lys Lys Ile Gly Gly Asp Ser

ES 2 651 244 T3

420

425

430

Trp Asp Ser Pro His Leu Ser Gly Thr Ser Lys Ala Val His His His
435 440 445

Ser Arg Val Thr Ser Thr Gly Val Gly Ala Gly Lys Thr Met Val Ala
450 455 460

Met Asp Gly Gly Leu Phe Glu His Tyr Ile Gln Tyr Arg Ile Tyr Met
465 470 475 480

Gln Ala Ala Val Ser Glu Leu Leu Ser Glu Ala Ala Ala Ser Arg Leu
485 490 495

Val Ile Gln Leu Ala Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ser Ile Leu
500 505 510

Ala Ala Cys His Ser Lys Tyr Arg
515 520

<210> 91

<211> 1557

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 91

atgccggaat tggagaatag gatatggatg aacatgctca tagcaggtgc tgcggtggct 60
gccattacta ccgtgggtgat tgccctggaat agtacacaga aggccccctct cgtgaaaact 120
cgcaaccggg cactagagct tttatacgag tttcagcatg cggctgcaac tcctttacac 180
gctttgcggc agattgcgga gcacatggcc attgagatgc gtgcaggact gaggaggggc 240
ggcaagagca accttctcat gcttcctact tacgtggaga atcttccgga cggagacgag 300
gaaggactgt tctatgcttt ggatttgggg ggtaccaact ttcgggtcct gcgctgtctg 360
cttgaggga aagatggcag ggtattgaaa caggaatttg aggaggtctc catacccaaa 420
gcgctgatgt tgggcacaag tgcggagctc ttcgacttca tagcggagag actggtcgat 480
tttgtgagcc gagaaggaga agggtttaag acgagaaacg gcatgcaaca aacagttcgc 540
gaaatgggtt taacgttctc atttctctgc aaacaacaat ctgtgaaatc gggggccata 600
attcagtgga gcaagggctt cgacattgct gatgggggtg gagcagatgt cgtggcgctg 660
ttgcaaagtg caataaaccg ccagcgtgga ccgaagattg aggtggctgt cttggtcaat 720
gacacggtgg gtactctggc tgggtggcgc tactggaacg aagatgtgat ggtgggaatg 780
attttgggga caggcaccaa cgcttgctac gtagagcatg atttgcccag ccacgtccaa 840
tctggatcgg gcgagatgat aatcaacatg gagtgggggtg gggtctggtc gtcacatttg 900

ES 2 651 244 T3

```

ccacggactt tcgcgatga gcagcttgac aaggagagcc tcaaccccg ttaggcgggt      960
tacgaaaaaa tgatcggcgg tatgtacctg ggagaaatag ttcgtcgagt gttgttgagg      1020
atggaaaagg aggccttcaact atttggtggt ccagtacctt ctaaattaaa agagcccttc      1080
agtttgataa ctccagagat tgccaagatg catgccgatg agtcaaagaa cttgcgggtg      1140
gtggccaaag ttttgaggga cgtgtttggg gttcaaaaaa ccgatttggc agcaaggagg      1200
atcggtcacg atgtttgtga cattgtaatc atgcgcagtg caagggttggc ggcagcggga      1260
atcggtggca ttttcaaaaa aattgggggc gaggccttctg actcgacgga ttcaaggaca      1320
ctcaciaaatc tgcactggga ctcccaagag cctcaacaac ttgacacaaa acgaattgtg      1380
gtggccgtgg acggagggct gtatgagcac tgcacccaat accgggtcta tatgcgggct      1440
gctgtgaatg agcttctgag cgaagcaggg gcaaagcgat tgcaaatcgt gttgtccaag      1500
gatgggtcgg gcattggagc aagcatcctt gcagcacgtc actcccagca taggtaa      1557

```

<210> 92

<211> 518

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 92

```

Met Pro Glu Leu Glu Asn Arg Ile Trp Met Asn Met Leu Ile Ala Gly
1           5           10           15

```

```

Ala Ala Val Ala Ala Ile Thr Thr Val Val Ile Ala Trp Asn Ser Thr
20           25           30

```

```

Gln Lys Ala Pro Leu Val Lys Thr Arg Asn Arg Ala Leu Glu Leu Leu
35           40           45

```

```

Tyr Glu Phe Gln His Ala Ala Ala Thr Pro Leu His Ala Leu Arg Gln
50           55           60

```

```

Ile Ala Glu His Met Ala Ile Glu Met Arg Ala Gly Leu Arg Arg Gly
65           70           75           80

```

```

Gly Lys Ser Asn Leu Leu Met Leu Pro Thr Tyr Val Glu Asn Leu Pro
85           90           95

```

```

Asp Gly Asp Glu Glu Gly Leu Phe Tyr Ala Leu Asp Leu Gly Gly Thr
100          105          110

```

```

Asn Phe Arg Val Leu Arg Cys Leu Leu Gly Gly Lys Asp Gly Arg Val
115          120          125

```

```

Leu Lys Gln Glu Phe Glu Glu Val Ser Ile Pro Lys Ala Leu Met Leu

```

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

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

Ile Val His Asp Val Cys Asp Ile Val Ile Met Arg Ser Ala Arg Leu
405 410 415

Ala Ala Ala Gly Ile Val Gly Ile Phe Lys Lys Ile Gly Gly Glu Ala
420 425 430

Phe Asp Ser Thr Asp Ser Arg Thr Leu Thr Asn Leu His Trp Asp Ser
435 440 445

Gln Glu Pro Gln Gln Leu Asp Thr Lys Arg Ile Val Val Ala Val Asp
450 455 460

Gly Gly Leu Tyr Glu His Cys Thr Gln Tyr Arg Val Tyr Met Arg Ala
465 470 475 480

Ala Val Asn Glu Leu Leu Ser Glu Ala Gly Ala Lys Arg Leu Gln Ile
485 490 495

Val Leu Ser Lys Asp Gly Ser Gly Ile Gly Ala Ser Ile Leu Ala Ala
500 505 510

Arg His Ser Gln His Arg
515

<210> 93

<211> 1906

<212> ADN

<213> Physcomitrella patens

<400> 93

aagttgtaaa gtaatctctc cgtgctcggg ttggtttctag aggttaagta tgatatgaga	60
gtctcgttga gcattcgatt gtagcatgca caatcgaaact ctaaacaggg atctgccaat	120
tagtccaaat cgacgaagaa ataaggttcc tccctttcga tgattctgat gccttgtagg	180
agcagatgac acagatgctg ttaagcacgg ctgtggcatg tgcaacgggtg gcagccgtgg	240
cggcagccgt catggtctgg cagaaattcc acaagcatag tcattgcgat caggcgctcg	300
tcttactgta cgaatttcga catgcctgcg ctaccccttt gtatgtcttg cgccacatct	360
cggagcatgt ggctcttgaa atgcaggccg gtctcaatca gcctggaggc agtcagctca	420
tgatgctccc cactttcatt gaaaaactgc caaatgggtg tgagaagggg cttttctatg	480
cattggatgt gagtgggacc aattttcgcg tgttgcatg ctttttaggt gggcctaag	540
cgcgagtgat aaaacaagag tatgaagtgg tcgccattcc gcgtgcactc ttgctgggaa	600
caagcgagga gctcttcgac ttcacgcac agagattgat ctggtttatt aagctggagg	660

gaccggagtt tcagcgggga cataactgga atggacatca aattcgtgaa ttaggggttga 720
 caatctcttt tcccatctgc cagacctcac acaacacggg cattctcatc aagtggactg 780
 aaggattcaa gattgccgac ggggttgga aagatgtagt ggcaatgctc caaagtgcaa 840
 tggaccggca gaaaggattt cagattaggg tggctgtgtt gattaatgac acagttggaa 900
 caatggcggg tgggcactat tggaatgatg atgtgatggt aggcgtgatt ctagggacta 960
 acaccaatgc ctgctacgtt gagtgcact tggccgagga catccagacg aagagcggca 1020
 agatggtgat ctatatggaa tggggtaggt tttggtcatc acacctcca cgcacttaca 1080
 ttgacgagca gcttgacaat gagagtgtga atccaggcga tagaggattt gagaagatga 1140
 caggggccat gtacttaggt gagatagttc gtcgcgttct ggcgaggatg gcacaggaag 1200
 caaatattt cggagactcc gtaccaacaa aattaaaaca acctttcatt ttgttaacac 1260
 tggagatgtc caaaatgcac gcagatgagt caccagattt acgaattgtg gacaaagttt 1320
 tgaaagatgt ctttgatata aaacggaccg agttgtcaga gcggaggatt gtgcacagcg 1380
 tctgcgacac agtgaccatg cgggctgctc ggctagcagc agcattcatt gtgggtatct 1440
 tgaagaaaat cgggcgggat ggttgggatg cgacaggtgt tagtagcaga ctaatggcat 1500
 taccacgaga ctccggagcat agagccaggc tcgaattgaa gaggaccgtc gttgctatgg 1560
 atggaattct atacgagcat tatcaccgct ttagaatcta catgcaagca gccgtctatg 1620
 agttgttaag tgaagccgct gccaggaaac ttgtgattga gctttcgaaa gatgggtcag 1680
 gtactggagc cagtattctt gctgcttgtc attcagagtt tgctccctct tattcatgag 1740
 ttatgactgc cgcacgaaa ttaattgtgt cttctttttg tgtaaataac catcaacgat 1800
 tggtaacaac cctttggcaa tcaagtgttg attaccagc tagtatattt ttcacaaact 1860
 ctttttgaac ttagaatgt gagctatcat cgggccagta caacat 1906

<210> 94
 <211> 517
 <212> PRT
 <213> Physcomitrella patens

<400> 94

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

ES 2 651 244 T3

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

ES 2 651 244 T3

```

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

Ala Met Tyr Leu Gly Glu Ile Val Arg Arg Val Leu Ala Arg Met Ala
                      325                      330                      335

Gln Glu Ala Asn Leu Phe Gly Asp Ser Val Pro Thr Lys Leu Lys Gln
                      340                      345                      350

Pro Phe Ile Leu Leu Thr Leu Glu Met Ser Lys Met His Ala Asp Glu
                      355                      360                      365

Ser Pro Asp Leu Arg Ile Val Asp Lys Val Leu Lys Asp Val Phe Asp
                      370                      375                      380

Ile Lys Arg Thr Glu Leu Ser Glu Arg Arg Ile Val His Ser Val Cys
385                      390                      395                      400

Asp Thr Val Thr Met Arg Ala Ala Arg Leu Ala Ala Ala Phe Ile Val
                      405                      410                      415

Gly Ile Leu Lys Lys Ile Gly Arg Asp Gly Trp Asp Ala Thr Gly Val
                      420                      425                      430

Ser Ser Arg Leu Met Ala Leu Pro Arg Asp Ser Glu His Arg Ala Arg
                      435                      440                      445

Leu Glu Leu Lys Arg Thr Val Val Ala Met Asp Gly Ile Leu Tyr Glu
                      450                      455                      460

His Tyr His Arg Phe Arg Ile Tyr Met Gln Ala Ala Val Tyr Glu Leu
465                      470                      475                      480

Leu Ser Glu Ala Ala Ala Arg Lys Leu Val Ile Glu Leu Ser Lys Asp
                      485                      490                      495

Gly Ser Gly Thr Gly Ala Ser Ile Leu Ala Ala Cys His Ser Glu Phe
                      500                      505                      510

Ala Pro Ser Tyr Ser
                      515

```

<210> 95

<211> 2642

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 95

ES 2 651 244 T3

atattattca cgcttctcgt aattaatcat ttggtgaatt atataattcg aagtatcttt	60
tgacagctct agttcgagat attatacaat aaaatcaact agctactcta tttattttat	120
tgtgttcgat aatgagacat ttcagtgcgg ttttgtttta ttttataaga agagacatta	180
ttgagcgagt tttctttttg ggttcctgca tgaacaatgg caaattgtgg gaactttaca	240
tatcgcttct ctcagactct gagcacttct ataaagctac actttctgac caagacacta	300
gtctgactct ttggttcggc catttccaac cagcaccagt tgctggacca cttgcttctc	360
catcttaatg aagccacaaa tgaacacatt ctctctaaag ctctctctca aatttttgca	420
aaatatttga aaaccatttt cttgttttcc tattaataatt tgtaatatat agtaaacctt	480
taacagtaat aaagaaaaaa gattagtaag ttctcttttt taattcatat acgtgtagtc	540
ttttttccac gatattttta ggattgggtc ccaataaaca aatggataaa cggtaagagt	600
ctaacgagag gccgtctcta gataacgtaa gaaagctaca aaaattcaac atgtgaatat	660
ttgagggaaa gtttgagtgg atggacaaag aatataccct ctctattatg aatcatttta	720
aggcaaaaaa agggagaaaag atgacaaaag gaagtgagtc aatttaattt aaaacgtata	780
aagcaaacaa aagagacact tgattattct cattcatctg caaaagtaac catatttttt	840
aagcaaaatt tctaaatttc gttatgtagc catttaattc catttaatca tttttggaaa	900
cattaaccaa tgatgacaat ttcttgctgg ttatgaacct ttcccattat ttccotttatt	960
tgatgcgttc atcttcacaa atatttagtc ctcathtagc atttgctttt aattcattgc	1020
attaatcttt catgacgaca acacacaact ctctcttgtc ctcatcttta tctacatata	1080
tcataaagc tggtaatttt attgttccat tctcactaca aataattttt gcaaaaacgt	1140
ttctaagctc ctagtaataa tttggttttg atccgtgtac gatacacgta tgatgtaato	1200
ctatatcttt atacgacggc tcgctgattt ttctgggttg aaagatttta aaattgatct	1260
tctaataaat cacaacaaat ttatacatta gacataaatt gagaattact ctttctcttg	1320
acaaaaaaa cattcaaaaa gcttttgga atcacttttt caataaatca cacatcccaa	1380
tagcttcaaa cagttgtagt aaaatgtacg tcaggttcac ttggtgacat atataattaa	1440
gagagaaaaa aaacacatgc acatcatcat tagcaaaagag atatccttgt cacagaccaa	1500
aatattttta agagcacaca ttgctccaaa ctctcgtcga ctttgatata ttattaagaa	1560
ctcttaccaa tttatatgtg gaatccatct ttccatcaat tataatctta ataaactcta	1620
cactcttctc gcagctgatt tactaataaa aaataaaaat aaaaaaaact ttttgtttcg	1680
atgctttctc tcactcggac aaataactaac gatcatttta gaataagtca accatattga	1740
aaacgactct caactaatta cgtaaaactta tattttgaag tagtcattct tacattgttg	1800
taaacacttt tccataaatg catgaagttt ataattataa aatatttaga catattccta	1860
tcaatttttt atagatcacg atttacatga atctccgaaa agagaaacat caaaagaata	1920

ES 2 651 244 T3

tggaataatt tccgaataa aaactctaga agaattgctg aggtcacgcc ggttttggct	1980
gtgtagagtg attcgtaaca tcttttaggc tgaacatgaa tgagcatgtc tccactactt	2040
agactcacat aatttttagct ctataaaaga aataattttc ggtgattgtt tgaaattaat	2100
atatatcgat catacttttg tcttagcgtt tgaacgtatg atcataatgg gtccatttag	2160
agatgacgaa tgtatgatga ttagagtgat gtaaaagggt taaaaaacta ctacatgaac	2220
tccattttctt aaccttaact ttcttaccat tgggtcgagc cgatccgacg tggaccaatc	2280
aaattgtttc tacaaagctg aaaaaattt acacactttt gcaacttttc tctcaatcct	2340
tttttaaaaa gaagatttag aaaaggaaaa tagtagtaaa agagagcata aaattcaaca	2400
aaccttctctg aagaaagtga cttttcttag ttctattaat actctctctc tctgcagatc	2460
tgttacttca ttatctcttc ctttttttca ttagattcca ttaaccttca aaagttttc	2520
taatacatctc tctctgctca caactttttt ttctttcaat acttgtaaag aaaaaataga	2580
gctttcttct tcttctcttt tactgttagc tttgcacagc attgcagctg tgaataacta	2640
aa	2642

<210> 96

<211> 1694

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 96

gctcctgctc ttccctcaaga ccttccttga ttccgcccgc gtatgttctc cgtctgtggt	60
agcgcctttg gaacactcta ccaacgccgc catgaaagga tctctcatgg ccgcagggga	120
cgtgttcttc ttacatctgg tggtagggct atgggtactc cagtgaggag ggagaggcaa	180
gaggttgctt aatgattcgt ttttccggtg atacgagaac tctttaggtt taccgggaag	240
cttttcccat gaaaatggga tgccaagtgg atggagagga gttgccggag agttgccgga	300
gaataggagg gaattggagg aggaggaaga gagtgatcgc cgggttgaaa tgttaaccgt	360
cgaggagaat ttgaccgagt tggatcgtct agtaggtaca attcgggtcc ttggcgaagt	420
atccattcaa aatagtgttt agttttggac ttgagaactt gttgtctctt tgatctcttt	480
tatataaaac tttggacgtg taggacaaac ttgtcaacat aagaaacaaa atggttgcaa	540
cagagaggat gaatttataa gttttcaaca ccgcttttct tattagacgg acaacaatct	600
atagtggagt aaatttttat ttttggtaaa atggttagtg aattcaaata tctaaatttt	660
gtgactcact aacattaaca aatatgcata agacataaaa aaaagaaaga ataattctta	720
tgaaacaaga aaaaaacct atacaatcaa tctttaggaa ttgacgatgt agaattgtag	780
atgataaatt ttctcaaata tagatgggcc taatgaaggg tgccgcttat tggatctgac	840
ccattttgag gacattaata ttttcattgg ttataagcct tttaatcaaa attgtcatta	900

aattgatgtc tccctctcgg gtcattttcc tttctccctc acaattaatg tagacttttag 960
 caatttgcaac gctgtgcttt gtctttatat ttagtaaacac aaacattttg acttgtcttg 1020
 tagagttttt ctcttttatt tttctatcca atatgaaaac taaaagtgtt ctcgatataca 1080
 tatattaaaa ttaaagaaac ctatgaaaac accaatacaa atgcgatatt gttttcagtt 1140
 cgacgtttca tgtttgtag aaaatttcta atgacgtttg tataaaatag acaattaaac 1200
 gccaaacact acatctgtgt tttcgaacaa tattgctgtc gcgtttcctt catctatctc 1260
 tctcagtgtc acaatgtctg aactaagaga cagctgtaaa ctatcattaa gacataaact 1320
 accaaagtat caagctaattg taaaaattac tctcatttcc acgtaacaaa ttgagttagc 1380
 ttaagatatt agtgaaacta gggttggaatt ttcttcttct tcttccatgc atcctccgaa 1440
 aaaagggaac caatcaaac tgtttgcata tcaaactcca acactttaca gcaaatgcaa 1500
 tctataatct gtgatttacc caataaaaac ctgtgattta tgtttggctc cagcgatgaa 1560
 agtctatgca tgtgatctct atccaacatg agtaattgtt cagaaaataa aaagtagctg 1620
 aaatgtatct atataaagaa tcatccacaa gtactatttt cacacactac ttcaaatca 1680
 ctactcaaga aata 1694

<210> 97
 <211> 1292
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 97

catatggtat gatgatatgc tttgtttctc tgcttctctt actaatttga agctgttgga 60
 ttgatttgctc tcttcttacg ttcccttctt ttttttttcg ttttcttttg tcgtatagac 120
 caggcagggg ctagggccta gtgatgggta ttggcccaat actattgggt tatttgctg 180
 gtttattatt tcgatttttag gtttaattcaa ttttaagaat acgtagattt gtttggttta 240
 gtttggtttg gttgcactaa gttcggtttt acataaatag aatctaacac tactaattgt 300
 tatacgtaaa atacaacaac aataacagat ttttcgtttc aattttcgtt taagagggta 360
 gacatttttg tttggtttg ttcatTTTTT ttttccctt caaattcaca tccttcacgt 420
 agatgacaaa ataaagaaaa acatgaatga aagtgttaac ttgtaagcat caacatggaa 480
 atcatatcac aaagaacaca aatctaacta atgggtcttt tcacatattg gtataattat 540
 aagttgtaag aatattagtt aaacagaggc aacgagagat gcgtgatata tgaaaagttg 600
 aaaacaaaag acatggatct aaagagtcaa gcaaaatgta atatcttttt ttcttctaaa 660
 cttgaggatg tccaagttgc agtgaatgat tccctttaat catggagaaa ttcaatgaaa 720
 taattgtgtt tcttcccaca ctttatcttt atttattttc ttaccacaat tacaactatt 780
 atcacaaaa tgtaagtaac atagcttggt actcttcttc catTTatgag ttgattatca 840

ctatatattat aagtaattac caacgaatgt tccaaattaa gcaaaatatt gtaatcgata	900
cactatgtat tcatctacaa tatgttaacg agctcctttt atggaaatat ttcgattgaa	960
aaaacatttg atggatcgtt cactaaataa ataatccagt aacgttttct taaggagat	1020
atacatattc gtgtggagat caacatatct tcgttaattg actacgcaaa atagttaatg	1080
gaaaaggcag agtgactcgt gagcttggca gatccaaaag aggttgtcaa gaaaaagcag	1140
atttaaaagt tcttccctct tctttaagtc acccataat ttcacatata tgtacatata	1200
tgttgcatth aactcatata catacatatt ctcacatcta taaagagagc ataagactca	1260
gagagatcta gaggaagaga gagagagaaa ga	1292

<210> 98
 <211> 2174
 <212> ADN
 <213> Vitis vinifera

<400> 98

gtgattaaat ttttattcat attcttgaat atcccaaatt aatcaagata actcatattt	60
gtttaaaaaa aaattaaatt ttaggtttta aaactaaaat tacctattta ccctctaac	120
taaaattggt tctttgactc ttttaagaga gtagtcaatt tgaaggcacc tccccattca	180
ttggtcaaaa ctaatgactt aaatgctttt cacattgctt aaatcaacaa tttttaattt	240
aagataatcg tcatactcaa gagcacgaaa caaaaaaag agtataatgg tgaactctc	300
tctctctca caattatagt aacacactct aaaaaaaca aactctaaat cataaaaata	360
ttaaataatat aataagagta aaatcgtcgt tgctcaaata aataaacaac caaaaaattc	420
aaaaaacgct actccttcaa cctttgtgag ctgtttggac aacctattcc tcacaagttc	480
aacgaaaaac tccaccctta atatttctta caaagcacaa ctaaattaat ttaaacttca	540
taaatattca atgttaattt ataacatctg caagaagaat atgcttttat atcatctctc	600
tctctctaaa agataacatt cataggaaag taaaaatagt cacataactt ataagaacca	660
cattccatta acttggatct tactttaaaa ctattatttc atttttccta attttggtta	720
aattcctcat aaacaagact aatccatccc atcattaaaa ttttcagtgc tttctttgct	780
ttctaacgcc aacacccttt ctttattttt aatttttttt ttcttttata gcaaatttaa	840
ggaaaagtga aaatttcatt gttcttacac ggaattgctt ttcttcaaaa ctaagacaac	900
aaaaattgaa gttaaaaaaa aaaaataaaa atcatgagtg ataatggaat ccaaagatat	960
aaataataag aaatatgaga aaatgtttat tttaaaaaag gatTTTTTTT tttaaatgat	1020
acctctataa atgtgtgaag aagtttggtta agacacctct ataaatacaa catagctcta	1080
aaattttaat attaagatgt tttaaaatta aaattctcaa tatctattgc taggattaat	1140
tttaagtthc ttacaatgaa atcatagaat aatttaagga aaaaaagcta aagttttgag	1200

taagagacaa attaatTTTT tcatagcgtt aattaagtac ttaagtctta ttttcatata	1260
tttcttatga acacaaaaaa aagtttttaa aaaaaaatt tatctagtaa ttaataatat	1320
ttttatacat gtatttctat tttaatTTCT aacaaatttg aacttattca gacttcaa	1380
aaaaaacaa tctccacctt ctaactcacg tggccaata tttatcataa gatagtagtc	1440
tcatgcttag atgtttcatc tgaatacaaa aaagtcaaaa attttaactt gatttttatt	1500
taaatttcaa acaaacctta acccattcat acttgaata ttaaacaata aataaaagaa	1560
aaattttcat atttgatgaa accaaatttg atgcatgaga tttcaatgtg tgacctgac	1620
ccaagatagt aaaaaattga attcagatct caatcttctt ccaaattaac taaattaaaa	1680
tatatatata aaagagaata taaaatgttg tgtccatgaa atgatgaata gcatggctta	1740
aatgcatggt gtcaaccac ctaaacctat tactgaaata agaggcttag aagaagtga	1800
ataaatacga tgactatgaa gtttcttatt agctttgttg gtgaagtgtg gtggcatgtg	1860
agtgtacaac agaaaagaga ctcacagaag gaattcaact ccatacttct gactttggtt	1920
ctctctgtgg atatcaacca agctatatTT ataataaagt tgagaaaaag gcaaggtaga	1980
tcaatggaaa tgggtgaaaa aaagagaggt tttatgagtc actcttagta tataaacacc	2040
ctcacatggt gatatgctac tatttgaaag gcacgaagag atagatagat agagagagag	2100
agagagagag acagagagag agagagagag agagagagag agagagagag agagtTggg	2160
atgaaaacaa gcca	2174

<210> 99

<211> 3001

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 99

aacaaaaaa tcgggttagg gcgggttaaa attttaggaa atttccttat tgggtagagt	60
tttactaaac ccgtggatat ccgattggac cggaatttat ccgttatcta aaaagagtat	120
tcaaaaaccc aaacattaat ttaatatcca aaatattaat tatatgatat tattttattt	180
gattttaaat atatagtaaa ctgaggttg tatatgtttt cttgatatta tttatattgt	240
ttagtgttta aaattatata cttgtatttt gattgttaat tttagagttt cacctgtagt	300
ataccatctt atattaatat cgattttaa cgtcaattc taggattttc cagcttgtat	360
taaaaattga atcacatcat acacataaaa aaatctaata tgttattaat tattgttgta	420
tataagatta taaattctta aaataatatg catgaaattg aatataaata tttaaattat	480
gaccagtagc ttagtaataa attttcttaa atctattttt gaccggttat aatatttttt	540
catgtattga acagtttata ttcgttttta aaagtttaaa ttatggcata tgcgaaaaaa	600
ctctaattat ttttttataa cgatgatatt attttttcgc aaaaatagaa tcatataaag	660

ES 2 651 244 T3

atgagaggtg aactataata attaataaaa aattaatatg ataatttaga tatcaaatct	720
tatttggtga ttttaattgg ttaatttttt gaaaattaat aatgtatttc gttttttaat	780
gaaatttaat taattaaatt agtatttgac tttttaattt ttaaagaaat gaattaattt	840
actctttaaa ttttatttct aatggcatat ctatgtaatt acttacaaaa aataaggtta	900
catttaaaat gtacttccca aataatatag aaggatgtga aactagataa aaaaacgttg	960
tattatoggt cagatttttc ttttacgttt tatttatatt cctttttatt aacgttttcg	1020
tcatgtttca acttcaggca gttacaactt acaacagttt ttaacaaaat agaaataaat	1080
tagaaagcga tttccagcta cacaagtaac aaaaatttga agattatact taaaaagaga	1140
gagagatatt catctcccca aatttaaaga gacatttcaa aattgaacta gcgaatgcaa	1200
taaatactag gaaatatatt cgtagctcct ttaccctatg ataattaata ttcagtcac	1260
tactattcta ctttctttgt tattataaga agaagtagaa ttacattaaa atctgtgaac	1320
atttgagtgt taaataaagt gaagcttcgt taagtttacc taccattcct atttctttgt	1380
ttttcatgac attttactag ttgaatgcta accaaaattc tttgatcaga tctaaactaa	1440
atataatatt tgtaaccgta aaatataatg tgaagagagt actgtacata gtgaatatat	1500
tcatattcct tttcaagaaa atactagaac attcatacac atcttttaaa attactagat	1560
tctagtcact tggcataagc aaaccaagct atccagccaa ataattagtg ttgggctagt	1620
ggtgaacgtc atgcgaatag tctggatacc ctagtttgag ttttaagttga gagggtttct	1680
aaacgatttt tggaaataca ttaactttgg ttcagacttt ctogattaat taccattaaa	1740
aatcaaaagg tcaatgttgt cgaaaatgta aaagtatagg cttcaaatag tacaatggta	1800
caatcaatgc ccaacgaaac gaacgaagca tatgaaacaa atatagtggg agatacatgt	1860
gatcgtgtat gattagaatt tgctactctc gaattatttc tgttttagtt ctagagagtt	1920
tggttggttt actatttgca gatagatcat ggagaatgct acttcgacct caatctctgg	1980
gaaccatata ctactaata atcttcaaac gatttgcctc aaaacaacgt atattactaa	2040
ctgcgtttga tgttttgaat atgtatgata aggttaaaca tatagagcgt atagattttc	2100
aaaagcatgg tagctgttgg tgaaaatgca tggcttatta gtgtttcttt tagagaagct	2160
aacgttgtat atagcattaa tttacatatc taattttgtc aattgtaatg agactttgga	2220
tacaacaaca tcoggctgcg aaataattgt gactttatat gtatttttaa taaattaaat	2280
ggtccaacta acacagaaaa cgtacgagta cactgtctca atatttgttt ctcatgggc	2340
cacgtccaac ttggccagcc actgaccact tcaactacaa tttaaaatga actgacaaat	2400
ctccaaccaa aactgaccc gtaataaatt ctatctatct ttagagactt cgagtccttt	2460
cccttttcta ctttcctctt ttggattcat taattaacta cacaatcaa tttgaggaaa	2520

atcacatgat tctaacacac ttctttcagg taaagtgtca aaagtttcac agaccatata 2580
aattcaaata ctccatgcga aattaattta ttaatgctat gaaagtgtgc aaccggtgca 2640
cccatgggaa acaatcataa cacaataat tggatatacat attttgtaat aaacatggta 2700
acaattagaa tgggttaaaat gttaaacag tgaattgaga taagttttaa ctctgatca 2760
gaactatattt tatgctcttt tgtttaaaat ggtcgtattc atgtgttctt atacgtataa 2820
agtcacaaaa agacgacat tttttaaaag tgcgttcacc tttttgtaca acttgcggtta 2880
acgattttgt gttttaataa acggtaacct taaaacgcag accacatttt ccgcggcaca 2940
aacgcgctta acgccatctc tataaattaa aaccaccca atgccaata ttttctcata 3000
t 3001

<210> 100
<211> 1256
5 <212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 100

aaggtaacac atgtatatat atgtcacata gacattacta gtatatatta tgtacttcta 60
tcatatatatt atgatattgc agttgcagcg tacacaagtc agtcctttt gacttttaca 120
tctcatgaat gcattgccat gacatctaata ctactcgag atttgtgcat gcacattatt 180
cacttttgtc ttttgcaatt tttgttattg taaaaaaagg aaaaacaaat gtaaaagaga 240
gagagaccag aaaggtctaa ctaaacctaa agagtcaatg aaatgtgttt ctttcttgtg 300
ggattaatca attcactctt taacacttct ttataccatt gaagaaatta gatgaaagag 360
tcacgagttg cttaccaaata cctcacaaag aattgagaac tgataaacca aattgagaag 420
attaaatatc acgtctcctt ttgatctcta ttataattaa tcgaaaataa aaataagagt 480
tttcaacaaa acgtgatcat tggtttacga tcaattgcaa agtcaaacct aaaacgtagc 540
attagtacac taaccttaaa tactaattat atcatgcaaa ccctaattgc attacctaac 600
tatacatgtg taatgtgttc aacagatctt ctttaaccac attagatcaa tattaacaaa 660
taaaaagatt cttatatatt ctactactta cttcttctta ttcccatcca ttttttctg 720
tgccttttagg ttctcaacta atctcattta atttagctag cacacagaga aacacacacg 780
tatataaata atatgataac acacaaaaag actcatatat ataaataatt agagtcatta 840
aatgtggatt catcattaaa tgaaacaact cttcttctct gtacaatttc tcttcacacc 900
ttcaccaaat tctttgactt caaaaatctt ataaaattta tatatctcca aaaccataaa 960
acaaaaacga gttttcacia ataaattact tagttgaaat ttcaaacttc attcaattag 1020
ggtagactct ctcaacaatc cacattaatg aggggtgctg cttctgatgg ctagcagtaa 1080
10 cagttttatc gcctccactt cttaatgcca tctttttcct cttccctctc cttctctata 1140
tatattttct gactctgcaa aaccttaatt catccatctc tcaaacacca tttttggaaa 1200
caccatttca ttttcttaa acttttccat ttagtatca tttcatattc attgat 1256

<210> 101
15 <211> 1219
<212> ADN

<213> Solanum tuberosum

<400> 101

aagcttttaa	acatcgataa	ttcatcactt	ttatTTTTTg	tactcttctt	cttcttcctt	60
cctttctttt	tttttttttg	tgtgaaatth	gatatTTTTt	gtcttaaattg	attaatctat	120
tgtgtagaaa	atagatthttc	ttgttagtgt	ataaatthta	taaaataaat	ttaaagacct	180
cttaatatata	ttttcgctta	ggccacgaga	tttggtgagc	cgccctgatt	atcataaatt	240
atttgaagat	tttggctctgc	aattgtcagc	taatctccaa	ctaaataatg	tccaacataa	300
tttgagacct	accaaataatt	taacgggcaa	agattaatat	aacactatag	tatatataaat	360
gacattcatg	agtgtgaaat	tgtatatagt	gttcatgtgc	atattttact	attttcttgc	420
aatcatatg	gttcatatac	aataataaca	atggaaaaga	cagggtgtttg	gcctgtaattg	480
ggctctctatt	gtccagatct	tggtggaccc	tacacactat	gacgtctgtc	aaataatctt	540
ggaaaaataa	cttggtgcac	gactcttoga	gtctaatttt	cagtgattta	tttaataatg	600
actaagtttt	atcgctthta	taatgacaaa	aaggatttct	tattattact	atctctgttc	660
tatattaatt	gaatcgatga	gccaaattata	tgaattthta	tcaaataattc	attthtaatt	720
ttgaacgata	aaaaaagcct	catgagaatt	ttatcaaagt	aaaatatgaa	aaaaatgatt	780
atcaagtata	aatgaacaaa	gagaataata	tgaaggthtt	atcaaacatt	catcttaaat	840
tttgaacgat	aaaaaaagct	tcgtaaagaa	tattthtatca	tagtaaaaca	tgattatcaa	900
gtaaaagtga	acaaaggag	taatatgaag	atttatcatg	tattthaaaag	ctcaatagtg	960
attataatth	gagggactaa	ataaatthta	ggagttgtta	atatattccg	agaaaataaa	1020
atattgtthta	agtagaaaag	ttatgggtgtg	tataagttaa	ataataatat	tttgtaaata	1080
gggatatgga	aatgagtata	aatagaaaga	tagcaaggth	tctcgtgaga	gttcacaagc	1140
caataaagct	gatcacactc	ccctthgtat	gtccactcaa	caacacaact	tcttgtgatt	1200
5	cactthcaat	tctagatct				1219

<210> 102

<211> 3430

<212> ADN

10 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 102

aaaaacaaat	ctcatataaa	tcatgccgac	attacacaaa	caaaatcact	tatgcagtgt	60
ctatgactcg	tttatcatgt	tgthcttgta	ccgttgatat	tgtggaaaat	tatcttgtth	120

15

ES 2 651 244 T3

ttattttgtgt taaatcagat ctttctcctc ttagtagcat gagaaagagg atcaaccggg	180
gacgatattc catccataac gactataatt acagttaatg ttaaactggt tttatttata	240
agacacaatt ataatacatc cattaagatt tttaaagttt tcataacaaa aaaaataaaa	300
aatataataa ttagacgcat tttgataata gaaaaactct aaattttcaa taaaagtctc	360
aactgccttt acagtcta atgatcatga gaagggttaa gaatagaata gttgactttt	420
aacttaatgg aagatttact ggaaaatgtc tctatctggt atctagtatt ggaccggtta	480
ataatgtgca acgtataatg tagggtagta aatcccaaga aaaatctaga ttttctagat	540
aacatattta accagaaaag aaaaaaatt gtagtggaa agaccagcat ggttcaatct	600
ggtcgttact aaaactacca atccaaaacc taccaactat aatacaatat gactacaaat	660
acgggtttga agattaattc gcggctaacc atcaaaaaat aatgtttgac gatggctcat	720
ggttccactc gccaccata tacagtttat attctctttt gagacctcaa aatcaagtta	780
ctagaactcg atgatcttac atgaatataa aatgaaaatc agctccaatg tagtttgaag	840
aagggtataaa acagggttag accaaccgat tccaagactt atgatggccc acaacaacaa	900
aaataactaa caaattttta gaccctacac tactcttagc atgcatgtga cagcttaaac	960
ttaaatttaa acagttaaca tgaacaaccc cacttgcaat aggaagacag caaatagcaa	1020
acttaagca gtttacgatt tctggtcttt taaggcaagg tttagtaacc cagtaattcc	1080
ttttgatttg aaatatatga ataaccgaaa ttaaaaaaca aaaaaaaat caaaaatac	1140
taaaaattga aagccgaaat aattcatttt tcaatagtta taatcatctt ttaaaaagta	1200
agttagatca taaaacctaa tataaaactt ttattggcaa aactaattaa tcacgagaaa	1260
ataatattaa agttagctca tgttatgttt atattaggaa tctctcattt actttatttt	1320
gttttggttt gtttctataa tgatattagg attcaggaag acaataaaca aaatatcaac	1380
aaggaatcat gaaagatata ttcgaacggg ctcagatcga cgcagaaaca aaaagctttg	1440
gaatgattta ataatacaaa tttggcggaa aggtttgaag aatttatact tggcattcta	1500
tactagcgaa cgaaaacaaa agtttagtca aatatttagg attacaaaa aatcaatatt	1560
cgtatacaaa tgtgttttat tataaaccat gatttttcat aactttattc ttagttgttt	1620
caatttggtt tctctcattt ctggttcta ttgtagaaa aattcctgat tcttttttct	1680
tttcttttgt tttcccatgt caattataac cgcattagaa aagggttagca catgttcatt	1740
tgcacagaat gtagtcaatg tacaattcat ctataattta tcaccttttt gttaaaaaata	1800
tttatagcca tgttatatat attttatcat gttgtgtttt aaactctaga tttgttcttt	1860
cacagtttat gggatttatc atttcatata tttcctccta tgagtaagat gtcattttta	1920
aattcttaat taagaattta gaaatcaagt ttattatttt gttaaaattt ataaattacg	1980

ES 2 651 244 T3

tatttttctt ttatttagtga gattaagata taaagagtct agcacactag agaaatgaaa 2040
acatacatat atctagaaaag ggtttataag aaatttagtaa atggaatcag aacatgaagg 2100
agaagggagg ggccaccata cgcacgggaa tgagaagtat gggacggaca agaaatcaag 2160
tgtacacaca tgaaaaaacc caccacgtga agatctccta ttggtgtgtc ttctcctaag 2220
tactaagtat aaaccaaagt caaaacacaa caaagacata ttgcttgcca gccagcgagt 2280
gtgtccgagt gagaagagag tttgggactt cactgttttag agagcctcat tgcctaccta 2340
gattcgggtt atccacgtgg agagttcacg tagcttctat aataataata cattatataa 2400
gctgtttcgg taaaaataat ttagagtttc acttcccatg caaaaagatt aaatggacta 2460
ctatattttc tatatgagtg ttttggaat aatcttccaa gtttatggct atttagtaaa 2520
actcaatcca aaatgagaac aataactttt tttttttttt ttttgcaatg agtacaataa 2580
acttatgatt ggttttgggg actagaaaat aaaatagaga catatacttt aagaatagtt 2640
gatgagaaaa taaaactttt ttccaagaaa gaaaaaaaaa tatactctgg ccccttacat 2700
attctgtcaa atgccatttt attttcttta ttttgcttgg tccatttctg gattcctgaa 2760
atgaacacac cataattttc atgccatttt ttgtcctccc attaacactt accaaacacc 2820
aaacgtacct tccttccttt atatgtgtct ctatgtctat atatcactcc caccttcaaa 2880
tgctaggaaa gtggacatca caccatagtc tgatagtcac gaatctcatc aagtagaaac 2940
ctccaaagaa acagattgag tttcctcttc ttcttcctcc tctttcgaat cttatatattt 3000
cgtgtcaaaa aagaaacaaa atatgatgat atctaccgca aaagctcaat gtttgccact 3060
taaattctgt ctcatctctc aagatttttg atcatctcac acttactccg ttccgcattt 3120
tacgcctttt cttcaccatt gttgcttctc gaatcgaaac catattgggt ttgcagcatt 3180
aatggtgcac tgagtcttct taaagccgtt aacctttccc tgccaaattc tcaacaaaa 3240
agaaaaaag ataacaaatg ggtcacaaca agttgccata aaggtcccaa cagaagaaga 3300
aaagagaagt ttccccgtgt tgctttgtca caagcttcat cactatttat aactaccttg 3360
ccaagaagaa agcctaaaaa ggtataacag tttctttgtc tttagagatc atcaaaaaga 3420
tgtcgatctc 3430

<210> 103
<211> 2630
5 <212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 103

ttggatccac caattattaa caaggagaag tgttatagga acatgagaaa gcaagaagga 60
agctaagatc atcttttcat atgccccaaa ttccctagtt agtcttgttt agttcatatt 120
10 ttcttgtacc taattgcttt atttcatgta agcaatatcg catgtacgta tacgatgtat 180

ttttatataa ccctagttct taaatatattg taatgcttat taaaaatcac aggttttcat	240
cttaaaacaa atttgcaata agtaaaaaa tttaatgttg aatttatcaa acttccaatg	300
tgggacaatt tccctatcta ataagtcttt gagaatttgt gagaaacggt ctaacaagaa	360
caatccaaac ttaatatatt ggaaatacca taacaagacg gatcacttat acgaaccgca	420
gaggtgagaa acccctttat ttggaaaagt gtctagtggg tcaatctggc tctgatacca	480
tattagaaat tataggcttt caactcaaaa ccaattgaca atgagaggag aatattagtg	540
tagaatttac tacaagcatt atataatatt aatatatatc aaattacaac tttaaaatat	600
aaagtatcat attttgtttt attcctaata tgatctaatt taggaaataa aaactctaata	660
acatgtatag tacgtacact gatatgtgcc ctcttgggag gaaaattgcg gaaccgcatt	720
tttgccggaa aaatattgac tcacgttttt gtggaaacta tacggaatca catatttttg	780
cgagaaaaat tcattctctt attttttagct ggaaattatg aaccgtattg ttagcaaaga	840
actatagaat tatgttttga cgctaaaaag cgaactcgca ttttttgcgg aaaaatggtg	900
agatcgtgta tttgacagaa attttgattt tgagagagaa tgagagatcg atgatgaaag	960
atgtgagaaa tttgtgtttg cttctgttta ctaaaattgg tttaaacatt ttattcagtt	1020
atatttgggt tacacatttg gttattttgt caatttgggt atgggtaatc cactaatcta	1080
tttcaaccaa ttattccaac ccaaactcatt acactcatta atccattgat tcattaatta	1140
tcaaatttcc aacaactcat tagatccatg agttggattg gtttgggttg agttgaaaaa	1200
ttaaactcaa ttcatitttg catacctata atatggtata tcatacgaac cacctaaaat	1260
atgtgatgca tgcacttatt aaattgcatt ttacaccatg tttttgttta agtacgtcaa	1320
cattgaatta gcacaatgta tacgtacaaa aaagactact ttcattggtaa tttaatatto	1380
taactcaaca agatatcata gaatgcaata agaagtgtc attgcaatga ggtactatca	1440
aaattctaaa agtctcaatt gtgtaatttt cctaagaaa tagggaaaat accattttaa	1500
tatcaaacat ttacaaaatg ctaaaacaatg ttcaaatttt ctttctatac ttcttaagtt	1560
ttaaatacga aatttctttc acagtaccaa attaaaactt tgtaaatatc atcggatatt	1620
tctaaaaaag gaaataattt acatgatcct caatccccga aaaaaagtat ggaagataac	1680
agttctgcat atgataaagc acctccaatt ttaataacga ttaaaaaaaa gcaaaagggt	1740
ggttgggtta tatttatattg cttttggata gagagtctct agtttcatgt gataaagtat	1800
cgatcgccca aaatccattc atacgagata tgctgtgctg tgaggtgtga gcggtaaggc	1860
tcgtgatgaa tggcaaacga ttcattgtaac tattttcttt tattatctta acaaagtcgt	1920
tgttactcta aatttaacac ttgatcatat ttctaatatg tatattctga ataatggcat	1980
ggcgtcaatt ctaacttatg agactttaaa cttataatgt tcactttctc ggtagcaaaa	2040
acgttctctt ttgcccotta agtagaagga caagaaatct attttttgtt tcattgctcc	2100

ES 2 651 244 T3

cgtttcctca catctgcact tgctaagcca accttggtt acttatgacc acctcgagaa 2160
 gaacctatth gaaaacagtc taatgccaca aaccaatctt gatgcatgga cttctagttt 2220
 tgcgagaacg tttatacat attatactgt atgactggtg accaatcaat tgaaaatgtg 2280
 acttagtttg tgctgcaagt cgtgttccgt atgaggataa catgagataa cgatagtaat 2340
 taacagttca caactgagta aaagaatgca acacattaaa atgatcaatt gaaaagcaaa 2400
 gcagtcaggaa aagtgtaaac aaacatttaa aaataaaaaa ttgttacatt caggtagagt 2460
 aagcaatccc acgggattca tgtcacctta acctccaaa atatcatgac gctaagacaa 2520
 ggtaatgtat acgtcactct tctctaaca aggctatata aaccctagat tggcactagg 2580
 cttccatgca acacaaaaac atacacacta ctaataaacc atgaagcttc 2630

<210> 104
 <211> 2001
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 104

tcaatcttat gaggtagatt cggaattggt ttggcttcat cttttttttt tttttatggt 60
 tgttttggtg ttgtttaaac tgtttcgatg actctttgta tatgggtgga gttttctttt 120
 gattatgtaa tgtttttttt ataattactt ttcttctttt ggattaatga ttattcctga 180
 ggtggagact ttactatata tagagagaat gaggtggaag atggaacttg ggaacaaatc 240
 gtcgtggaat acgagggtga ttagactttc agttgtgcaa agggacaaaa caacatgac 300
 tgttaaaatt tctttgttta tacaccacaa attaatgcat acacacacag tatacatgtg 360
 taacgttttt gatgttcccg tgaaaataga tgtgtattta gagcctagat ggatagatta 420
 tgattggatg aaacatttgt aatattttga caaaagttaa ccatttacgt taaatgtaat 480
 agaatgaaca ttctctctaa aaaaaactcc ctaagcaaaa aattactata aggatgaatg 540
 gtatatcgct tagtcacgtt ttcaaacgct atttttttac attcaaaata tttatcaaat 600
 ttttttcgat ttcacgtttt cgaaaagtaa ttcggctgta tactactagg ctactagcat 660
 gtcaatatac ctagaaaaaa acatgattaa tccactagaa ctatatattc atccattaaa 720
 ctaatttatt cagttcaatt cattccacta ataattattc agttattccg tcatttcaat 780
 ataattataa gttatagaca agtttttttt actaacatgt tatagctatc cttcaaaaat 840
 ggtacttagc aataacatct tatagctatt ctgaacatcc ataatgtttt gtcacccaat 900
 tttgttcttc aaaataaaca agttaaaatt aatttctcgt cttcaattct aaataattgg 960
 ctccactgat gaaagcccat aaccatgatg gaaaaacgtg catttcagca tttgtgtaga 1020
 tagcgatatt ttgttcgact acacagaaag ttttttttct ttttgactac caaagaaatt 1080
 tgattcatag tatcttcgag ttaggtacca aaacatgtaa aacagtctcg tcttaaacgg 1140

tccaatacga cttcatgacc gacaaaatta aatcacacgg ccagttttga cgcgtgagac	1200
aacaacctac tattgaggat ttggctaaac actcgccaca atgcttctat tgtattgaca	1260
atatttgtgt ttatttcatt tggtattaat aaagacaaat atcataagta ataattgact	1320
actactaatc cataatthaa aatgttatth tttttgaacc aaggactaca taactaacia	1380
cttgtagcta aagattacia aacatgtttt agtcgttatt tttaatcatt atagtttata	1440
gtaatcgcta ttattcgttg ttattgctaa ctatgaaatg aacatggttg tacattttgt	1500
cccatcacta ccacaaaaat ttttggtttt tggtgaaaaa agggagacta accatggttt	1560
acaaagaatc tatgaaatac taacgaaact atacacaatt atcgacttta ttattaagag	1620
acatcgctca caatatatga aggtcagcgt gtaacatatt ttgttttttg gggcgttttt	1680
agtatttttag acaaatatag ggatttatcg taatttcgat aatcttggtg tttttttagt	1740
tataagtctc ctcttgctcat attcacgagc cgtataaaaa agttgtttct ttcttctctg	1800
tttttttgct ttcgtcttca agagagagag agagagagat acaaagagag aaatttggtt	1860
gtttgttgac ggaagcttct tcggtctctc ttctcgtctc tacgattgtc aacgcgtggt	1920
tccatcttca attttggttc tatttttagca gaagtttctc gagcttcaaa tactgtttca	1980
gatcaatcaa tcagtcaatc a	2001

<210> 105
 <211> 2519
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 105

ttttggggat ttcaaaggac tctcttatcg acgacttttt ttttttggtt tgttctcgtc	60
tatatattgga acatgtgata tagttcaagt atgaagaaga tatgtgaaga aatttatagg	120
caaaaattat aaatgtattg gtttgaagat tcaaaaaagt aattatggtg ttacttgtaa	180
ttttggtgca tctcacgtgt gactagacct tgagtggaag tatttggttt tttttttttt	240
tcttatgata ttgttttttt tagtagaaaa tttaaaaacc attagatttt gggtgctata	300
attagaaacc atctatgtct ttgaattggt catgtttaca ataaagtata gaaagtaaaa	360
atctactcaa aaacaatttg tggttgctat aactcattct tatcagtttt atttcaagca	420
aaactaataa cataaattta gtattgagaa gaaaaaaga aacaactcgt ctcacagacg	480
gaaattgcaa actaaaataa gagtggctta tcaccgaagc aggaatcatg tgagtcaaac	540
gtgggacgag agagatgggc gttgacaaat gctgcgtcgg cgtggatggg ttttacaagt	600
gcaaccaaat tgacacgtat ctatgacttc tcatatattc caaagtattt cgatataagt	660
tggcaatatt ttcattaaat agagctgttg atttttccaa gaagtggat ctcaattctg	720
cttggtattt acgacttttc taacttttta tctagtttag attgttcgtc aagtttgaaa	780

taaaaactggt gataatagct atgactatca tatacagtat gaaaaaatta agagttagat 840
 tgtggcaaag agacatctga aattgtagaa ataaaggatc taaagcagtg gactgcctcg 900
 aagatgctat aaattttgta atcacacttt atttcgacca tttcatgggt aagtaattat 960
 gtatgtttgt ggtttaagat taatataatg atcacacggg tttctattag atgttttgga 1020
 gcgtagtga cttttgtgca tattatctta aggatctctc aaatccgatt gacgcgataa 1080
 aaaggtcacc aaaagttata gactcgaaat ccatattttc tgacctacct aatggtcgaa 1140
 atattagtc aagacacata tccaatggaa aaaaacttat tttaaatttt taagagaaac 1200
 tacgtcaatc atattacttt ttaaaagttt agatagtggg agaattcaca agaatactga 1260
 ttacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aactgaaaat cacgaggcga tcgttatttc 1320
 atttcccttt ctatgaaata gatttgact tttcatgaag gcaagccaaa agtgccaaac 1380
 aagtggtcct ccaaattttg aggaacagtt agttcaaaac atagcaagtt tgggtctcacc 1440
 catctttttt tacattacag ctcaaagata gaacattaaa aaaaaaaga aaaaaaaga 1500
 tttatagaga agattcatga atctagctag actattgtac cttaaattgc agctcaaagt 1560
 catattttgc atgttgatca gatatgtcat aagagttatg tcaaatacac ttgttgtatc 1620
 tctttgtaga aaataagatt gctaactcta ataattttgt tgacaaaaaa aagaagaaa 1680
 agaatacatc ctcaatttat aaagacacta tagctttgac attgacgact cacacgccca 1740
 aataaggtcg gcagagtga atgtctctgt aaatcatggg gttttaagtt gtactggaac 1800
 ttgtgtatga aacagtctat agcaataata atgaaaaaga aacaacacat tttgtccat 1860
 agcttttgta tttgtgtaaa tcggaaagaa aagtggttta ttattcatgg tcgaaaaaat 1920
 cagaaaaatg ggtcgattag agaaaaaagt aattttcagt ggctacagta taagtacagc 1980
 gaactgttct aggtagagag tccattata caacaacaac tcattataaa atttgacttc 2040
 agtaacgact gattgagaat atgttaatgt acactaaact attgacattg atgtaattgt 2100
 atatttttgt acaattacgt tagtaatatg gcgattgcac ctgattgggt aagaatctat 2160
 attctcttcc agttacccta cactagaatt tttcaatgaa gttatcactt gacataatca 2220
 atttaaaaaa ttgatttcga gacttcgacg ataaattttg ttgggccact acaaaaggtt 2280
 ttactgagtg ctgactactt attataatag gcccaaaca aacatatatg ttgggccact 2340
 acattattag ccaaaagatt ttactgtaac ttattatgag cccatacga gcatttcaca 2400
 gggaaaattt aactaaacgc gaaagtggcg ttacgattat tagaatgatt tcgtaataaa 2460
 cagaggatta gttaaatac gtttcgatta ctgtatatga ttaaaaatta aagttgaag 2519

<210> 106

<211> 3497

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Una secuencia de construcción que consiste en promotor KST1, cADN AtHXK1 y un terminador

<220>

<221> característica_misc

<222> (1)..(682)

<223> promotor KST1r

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (701)..(2670)
 <223> cADN AtHXK1

5

<220>
 <221> característica_misc
 <222> (2713)..(3497)
 <223> Terminador

10

<400> 106

gtcgcactaga aaatgaaatg aaaaacacct atctgttttt tcaactcaaat tccatccttg	60
caataaaatg cttattctta aaatttctat cttgggtggag atcccaccac cattaccatt	120
ttccccaaaa atcttacaac attatttcca ttttctttct cttaattctc tcaacaaatt	180
ccccttgca c tgaattatt atcaaagaaa atcatgtttg ccacttcaac aactttataa	240
ctcatatctc gctcgtttg ttgtttattg tgtttcaata ttgctatgtt ttcttctatt	300
ttgtacttgc atttgctcac tcgagctttt ggtaacaatc tctctacttc tactagatct	360
gcgtacagtc taccttctcc agacccact tgtgggaaga tactatagaa gtaggcaagt	420
agcaatgtca cgttcttaaa gctaaatgct ttttcaaaag aatcacaata aagaacact	480
tgaccctgt atcaccccaa ctacttcttc atctacatcc tctatatata aacacgctaa	540
aaataactag ttagtatttt taaatattac acattgcctt tccaagaaac tcgaaaaaa	600
aaaaaaaaa aaaaaccac atcaacaaaa aagaagcagc aatatataat actgcagacg	660
cgtctcgagg aattcggtag cccgggttcg aaatcgataa gcttggatcc cgccagtgtg	720
agtaatttag gtttctctaa tttctctcaa ttcactocaa aattttgatt atttcttctt	780
tctggcttgt caattttagt catttgtaat ccttgctttt gcgatcggaa tcgtaaaaat	840
ccgatctttc ttttagattc gttttgtttt tgattccaaa tcggaaaaat gggtaaagta	900
gctgttgagg cgactgttgt ttgcacggcg gcggtttgtg cggtggctgt tttggttgtt	960
cgacgacgga tgcagagctc agggaagtgg ggacgtgttt tggctatcct caaggccttt	1020
gaagaggatt gtgcgactcc gatctcgaaa ctgagacaag tggctgatgc tatgaccgtt	1080
gagatgcatg ctggctcttg atccgacggt ggtagcaaac tcaagatgct tatcagctac	1140
gttgataatc ttccctccgg ggatgaaaag ggtctctttt atgcattgga cctagggggg	1200

15

acaaacttcc gtgtcatgcg tgtgcttctt ggcgggaagc aagagcgtgt tgttaaacaa	1260
gaattogaag aagtttcgat tectctcat ttgatgactg gtggttcaga tgagttgttc	1320
aattttatag ctgaagctct tgcgaagttt gtcgctacag aatgcgaaga ctttcatctt	1380
ccagaaggta gacagaggga attaggtttc actttctcgt ttctctgttaa gcagacttct	1440
ctgtcctctg gtagtctcat caaatggaca aaaggctttt ccatcgaaga agcagttgga	1500
caagatgttg ttggagcact taataaggct ctggaagag ttggtcttga catgcgaatc	1560
gcagcacttg ttaatgatac cgttggaaac ctagccgtg gtagatacta taaccggat	1620
gttggtgctg ctgttatctt aggcactggg acaaacgcag cctatgttga gcgtgcaacc	1680
gcgatcccta aatggcatgg tctgcttcca aaatcaggag aaatggttat aaacatggaa	1740
tggggaaact tcaggtcatc acatcttcca ttaaccgagt ttgatcacac gctggatttc	1800
gagagtctga atccaggcga acagattctt gagaaatca ttcccggtat gtacttgga	1860
gagattttgc gaagagttct tctaaagatg gctgaagatg ctgctttctt tggcgataca	1920
gtcccatcta agctgagaat accattcatc attaggactc ctcacatgtc ggctatgcac	1980
aacgacactt ctccagactt gaagattgtt gggagcaaga ttaaggatat attggaggtc	2040
cctacaactt ctctgaaaat gagaaaagtt gtgatcagtc tctgcaacat catagcaacc	2100
cgaggagctc gtctctctgc tgctggaatc tatggtattc tgaagaaact gggaagagat	2160
actactaaag acgaggaggt gcagaaatcg gttatagcca tggatggtgg attgtttgag	2220
cattacactc agtttagtga gtgtatggag agctcactaa aagagttgct tggagatgaa	2280
gcttcaggaa gcgttgaagt cactcactcc aatgatggat caggcattgg agctgcgctt	2340
cttgctgctt ctactctct ctacctgaa gactcttaaa acctacccaa agagcgccat	2400
ttttcggtaa ttactgaaa gcttttcgct atcagaaaac gcctaagcca agttctaagg	2460
cgtcataaaa gaaagcattc catgttttta ctcttccca agactttctt tntagcaaat	2520
aagtttcctt gggagaaata ttgttttca tgttcttcaa aaataaaaga ctcagttctt	2580
cagattctgg gattttatta taaccagata tgttgtaaaa actacaaatt caaagctcac	2640
ttcactggag ttctgagtat ataaagattt catttttcct aaaaaaaaaa cttaaattact	2700
cacactagcg ggatccatgc tagagtcctg ctttaatgag atatgcgaga cgcctatgat	2760
cgcgatgatat ttgctttcaa ttctgttgtg cagttgttaa aaaacctgag catgtgtagc	2820
tcagatcctt accgcgggtt tgggttcatt ctaatgaata tatcacccgt tactatcgta	2880
tttttatgaa taatatctc cgttcaattt actgattgta ccctactact tatatgtaca	2940
atattaaaaat gaaaacaata tattgtgctg aataggttta tagcgacatc tatgatagag	3000
cgccacaata acaacaatt gcgttttatt attacaaatc caatttttaa aaaagcgga	3060
gaaccgggtca aacctaaaag actgattaca taaatcttat tcaaatttca aaaggcccca	3120

ES 2 651 244 T3

	ggggctagta tctacgacac accgagcggc gaactaataa cgttcactga agggaaactcc	3180
	ggttccccgc cggcgcgcat gggtgagatt ccttgaagtt gagtattggc cgtccgctct	3240
	accgaaagtt acgggcacca ttcaaccggg tccagcacgg cggccgggta accgacttgc	3300
	tgccccgaga attatgcagc attttttttg tgtatgtggg ccccaaataga agtgcaggtc	3360
	aaaccttgac agtgacgaca aatcgttggg cgggtccagg gcgaattttg cgacaacatg	3420
	tcgaggctca gcaggacctg caggcatgca agctagctta ctagtgatgc atattctata	3480
	gtgtcaccta aatctgc	3497
	<210> 107	
	<211> 2280	
5	<212> ADN	
	<213> Secuencia artificial	
	<220>	
10	<223> Una secuencia de construcción que consiste en promotor KST1, cADN GFP y un terminador	
	<220>	
	<221> característica_misc	
	<222> (51)..(736)	
	<223> promotor KST1	
15	<220>	
	<221> característica_misc	
	<222> (761)..(1487)	
	<223> secuencia que codifica GFP	
20	<220>	
	<221> característica_misc	
	<222> (1488)..(2266)	
	<223> Terminador	
25	<400> 107	
	attcctgcag cccgggggat ccactagttc tagagcggcc gcatgcatat gtcgactaga	60
	aatgaaatg aaaaacacct atctgttttt tcaactcaaat tccatccttg caataaaatg	120
	cttattctta aaatttctat cttggtggag atcccaccac cattaccatt ttccccaaaa	180
	atcttacaac attattttcca ttttctttct cttaattctc tcaacaaatt ccccttgca	240
	ctgaattatt atcaaagaaa atcatgtttg ccacttcaac aactttataa ctcatatctc	300
	gcctcgtttg ttgtttattg tgtttcaata ttgctatggt ttcttctatt ttgtacttgc	360
	atttgctcac tcgagctttt ggtaacaatc tctctacttc tactagatct gcgtacagtc	420
	taccttctcc agaccccaact tgtgggaaga tactatagaa gtaggcaagt agcaatgtca	480
	cgttcttaaa gctaaatgct ttttcaaaag aatcacaata aagaaacact tgaccogtgt	540
	atcaccccaa ctacttcttc atctacatcc tctatatata aacacgctaa aaataactag	600
	ttagtatttt taaatattac acattgcctt tccaagaaac tcgaaaaaaa aaaaaaaaaa	660

ES 2 651 244 T3

```

aaaaacccac atcaacaaaa aagaagcagc aatatataat actgcagacg cgtctcgagg 720
aattcgggtac cccgggttcg aaatcgataa gcttggatcc atggtgagca agggcgagga 780
gctgttcacc ggggtggtgc ccatcctggt cgagctggac ggcgacgtaa acggccacaa 840
gttcagcgtg tccggcgagg gcgaggcgga tgcacacctac ggcaagctga ccctgaagtt 900
catctgcacc accggcaagc tgcccgtgcc ctggcccacc ctcgtagacca ccttcaccta 960
cggcgtgcag tgcttcagcc gctaccccga ccacatgaag cagcacgact tcttcaagtc 1020
cgccatgccc gaaggctacg tccaggagcg caccatcttc ttcaaggacg acggcaacta 1080
caagaccgcg gccgaggtga agttcgaggg cgacacctg gtgaaccgca tcgagctgaa 1140
gggcatcgac ttcaaggagg acggcaacat cctggggcac aagctggagt acaactacaa 1200
caggccacaa cgtctatatc atggccgaca agcagaagaa cggcatcaag gtgaacttca 1260
agatccgcc caacatcgag gacggcagcg tgcagctcgc cgaccactac cagcagaaca 1320
cccccatcgg cgacggcccc gtgctgctgc ccgacaacca ctacctgagc acccagtcgg 1380
ccctgagcaa agaccccac gagaagcgcg atcacatggt cctgctggag ttcgtgacgg 1440
ccgccgggat cactcacggc atggacgagc tgtacaagta atctagagtc ctgctttaat 1500
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1560
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccg gtttcggttc attctaata 1620
atatatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatatt ctccgttcaa tttactgatt 1680
gtaccctact acttatatgt acaatattaa aatgaaaaca atatattgtg ctgaataggt 1740
ttatagcgac atctatgata gagcgccaca ataacaaaca attgcgtttt attattacaa 1800
atccaatttt aaaaaaagcg gcagaaccgg tcaaacctaa aagactgatt acataaatct 1860
tattcaaatt taaaaggcc ccaggggcta gtatctacga cacaccgagc ggcgaactaa 1920
taacgttcac tgaagggaac tccggttccc cgccggcgcg catgggtgag attccttgaa 1980
gttgagtatt ggcggtccgc tctaccgaaa gttacgggca ccattcaacc cgggccagca 2040
cgccggccgg gtaaccgact tgctgccccg agaattatgc agcatttttt tgggtgatgt 2100
gggccccaaa tgaagtgcag gtcaaacctt gacagtgcag acaaatcgtt gggcggtcc 2160
agggcgaatt ttgcgacaac atgtcgaggc tcagcaggac ctgcaggcat gcaagctagc 2220
ttactagtga tgcataattct atagtgtcac ctaaactctgc ggccgccacc gcggtggagc 2280

```

<210> 108
 <211> 686
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> promotor KST1

<400> 108

ES 2 651 244 T3

gtcgactaga aaatgaaatg aaaaacacct atctgttttt tcaactcaaat tccatccttg	60
caataaaatg cttattctta aaatttctat cttggtggag atcccaccac cattaccatt	120
ttccccaaaa atcttacaac attatttcca ttttctttct cttaattctc tcaacaaatt	180
ccccttgcac ctgaattatt atcaaagaaa atcatgtttg ccacttcaac aactttataa	240
ctcatatctc gcctcgtttg ttgtttattg tgtttcaata ttgctatgtt ttcttctatt	300
ttgtacttgc atttgctcac tcgagctttt ggtaacaatc tctctacttc tactagatct	360
gcgtacagtc taccttctcc agaccacct tgtgggaaga tactatagaa gtaggcaagt	420
agcaatgtca cgttcttaaa gctaaatgct ttttcaaaag aatcacaata aagaaacact	480
tgaccogtgt atcaccccaa ctacttcttc atctacatcc tctatatata aacacgctaa	540
aaataactag ttagtatttt taaatattac acattgcctt tccaagaaac tcgaaaaaaa	600
aaaaaaaaaa aaaaaccac atcaacaaaa aagaagcagc aatatataat actgcagacg	660
cgtctcgagg aattcggtac cccggg	686

REIVINDICACIONES

1. Una construcción de expresión de planta que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica una hexoquinasa de tipo B bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda.
- 5 2. Una construcción de expresión de planta que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica un agente de ácido nucleico para silenciar la expresión de una hexoquinasa tipo B, en donde la expresión de dicho agente de ácido nucleico está bajo un control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de la célula de guarda.
- 10 3. La construcción de expresión de planta de la reivindicación 1 ó 2, en la que dicho elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda es un promotor específico de células de guarda.
4. La construcción de expresión de planta de la reivindicación 3, en la que dicho promotor específico de células de guarda es el promotor KST1.
- 15 5. Un método para regular la conductancia de los estomas de las plantas, comprendiendo el método modular en la planta el nivel y/o actividad de hexoquinasa en una manera específica de las células de guarda, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, regulando así la conductancia de la planta.
6. El método de la reivindicación 5, en el que dicha modulación es una regulación positiva.
7. El método de la reivindicación 6, en el que dicha regulación positiva se realiza introduciendo la construcción de expresión de la planta de la reivindicación 1 en la planta.
- 20 8. El método de la reivindicación 5, en el que dicha modulación es una regulación negativa.
9. El método de la reivindicación 8, en el que dicha regulación negativa se efectúa introduciendo en la planta un agente silenciador de ácido nucleico bajo control transcripcional de un elemento regulador que actúa en cis específico de células de guarda.
- 25 10. Un método para disminuir la conductancia de los estomas de las plantas, comprendiendo el método introducir en una célula de una planta la construcción de expresión de planta de la reivindicación 1, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, disminuyendo así la conductancia de los estomas de la planta.
- 30 11. Un método para aumentar la eficiencia del uso del agua de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de expresión de planta de la reivindicación 1, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la condición de los estomas, aumentando así la eficiencia del uso del agua de la planta.
- 35 12. Un método para aumentar la tolerancia de una planta a la sequía, salinidad o estrés térmico, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de expresión de planta de la reivindicación 1, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentar así la tolerancia de la planta a la sequía, la salinidad o el estrés térmico.
- 40 13. Un método para aumentar la biomasa, el vigor o el rendimiento de una planta, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de expresión de planta de la reivindicación 1, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentando así la biomasa, el vigor o el rendimiento de la planta.
- 45 14. Un método para aumentar la tolerancia de una planta al estrés biótico, comprendiendo el método introducir en una célula de la planta la construcción de expresión de planta de la reivindicación 1, en el que dicha hexoquinasa es una hexoquinasa tipo B capaz de regular la conductancia de los estomas, aumentando así la tolerancia de la planta al estrés biótico.
15. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 10-13, que comprende además hacer crecer la planta bajo condiciones deficitarias de agua o bajo salinidad.

FIG. 1A

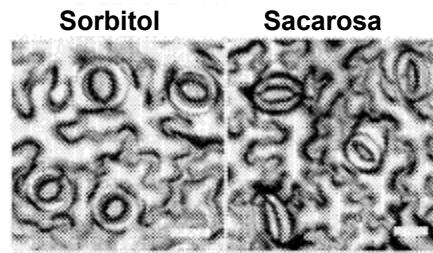


FIG. 1B

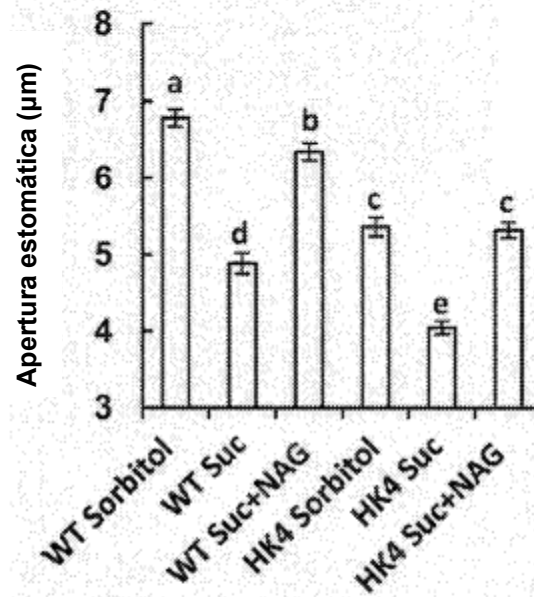
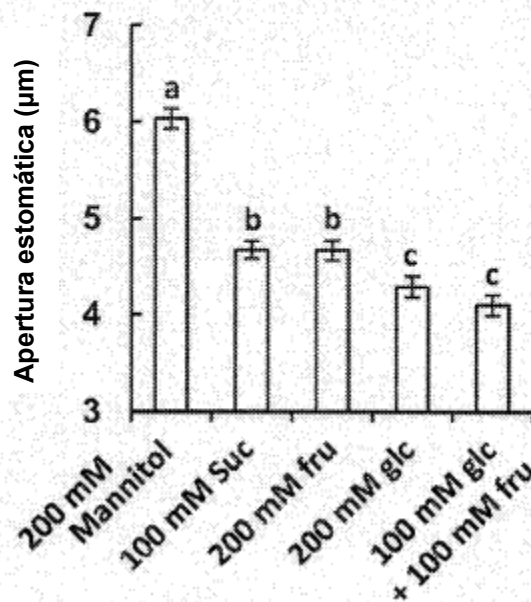
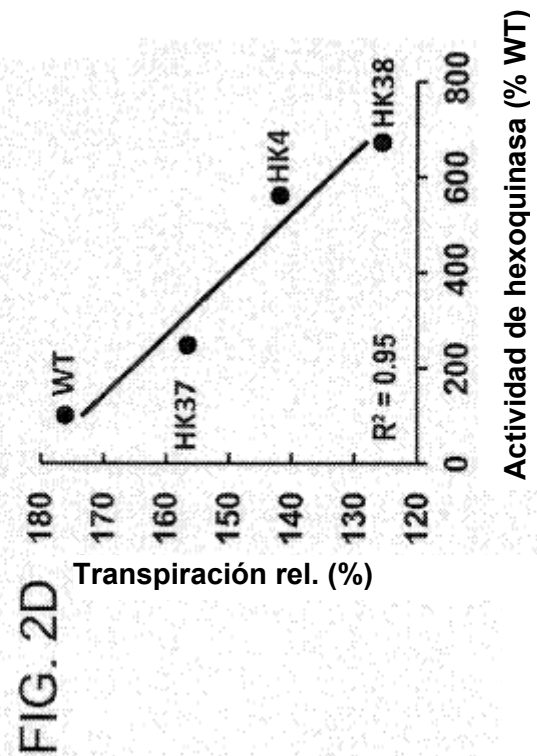
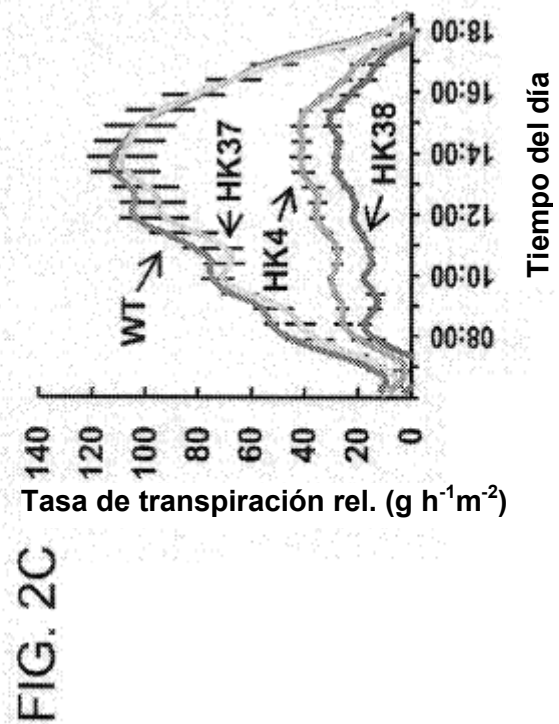
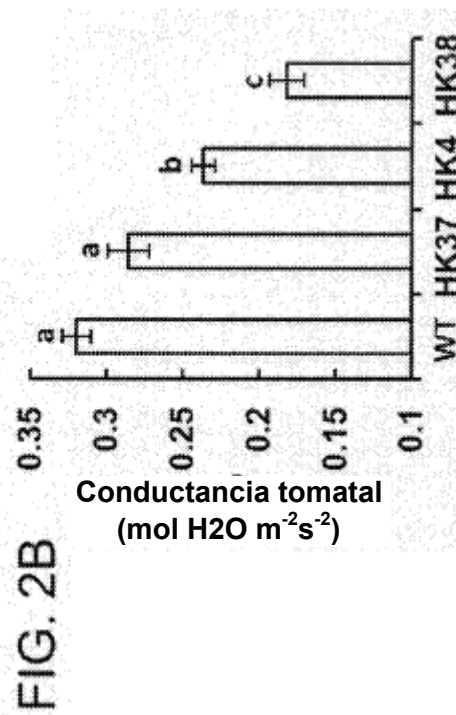
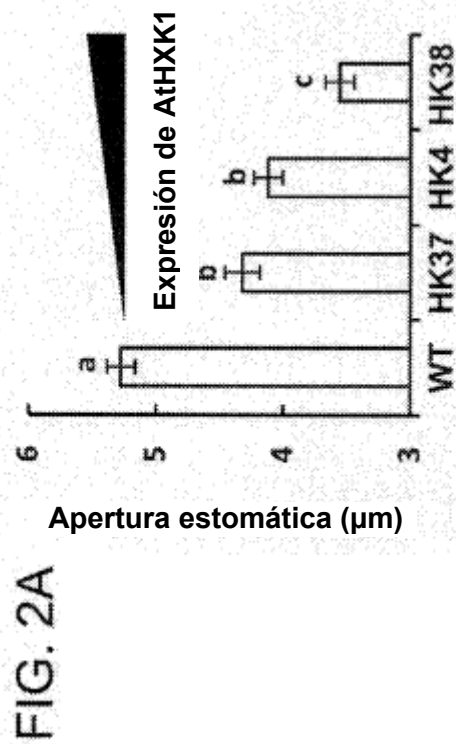


FIG. 1C





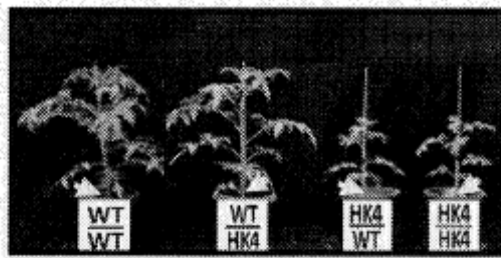


FIG. 3A

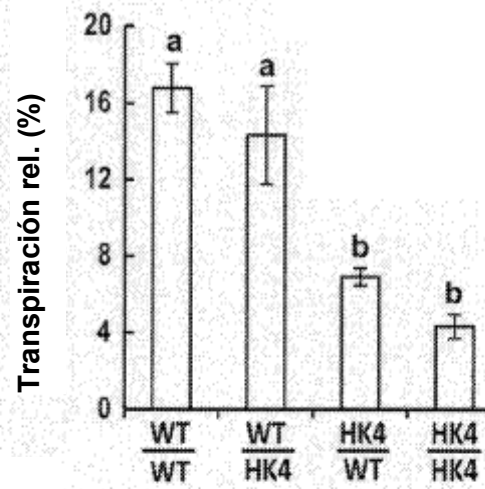


FIG. 3B

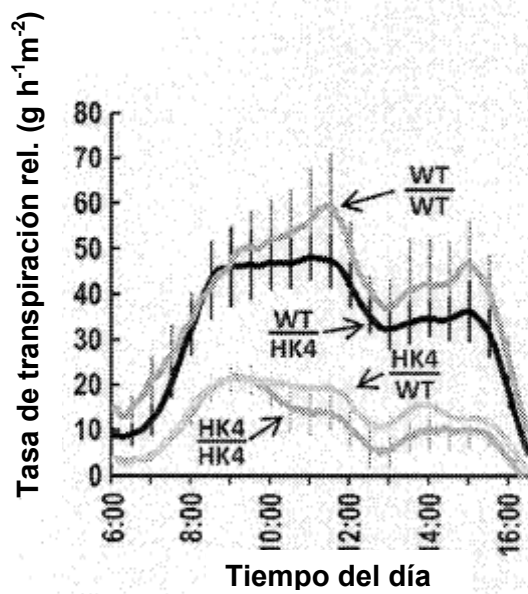


FIG. 3C

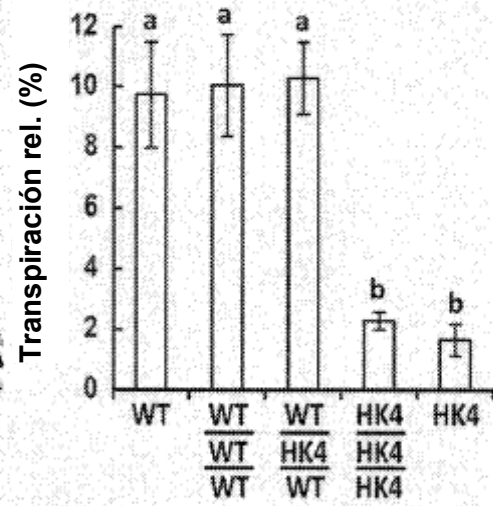


FIG. 3E



FIG. 3D

FIG. 4A

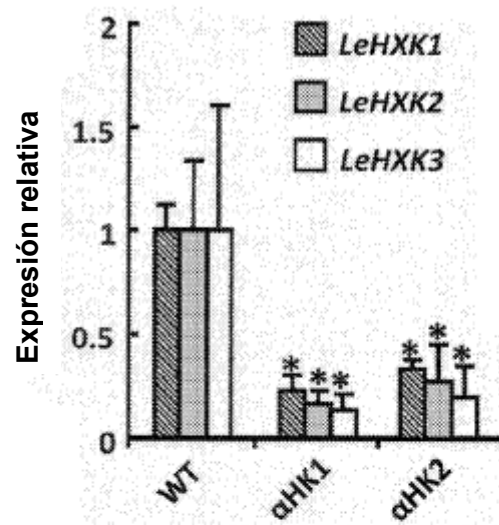
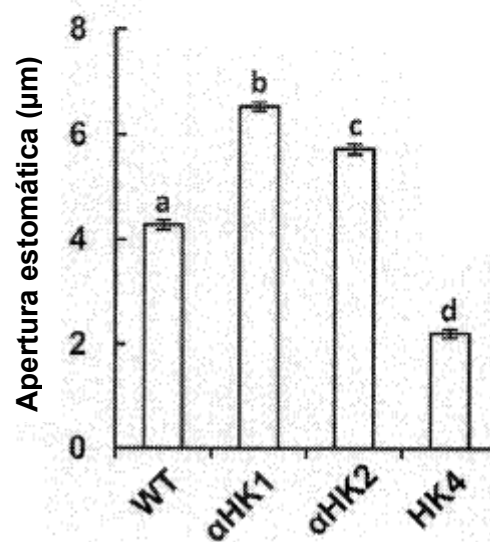


FIG. 4B



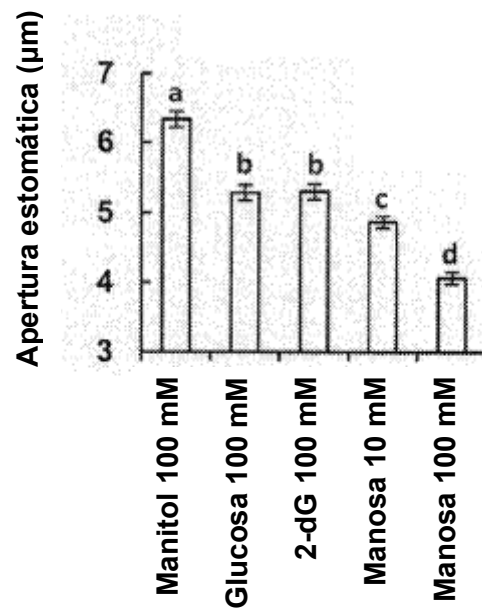


FIG. 5

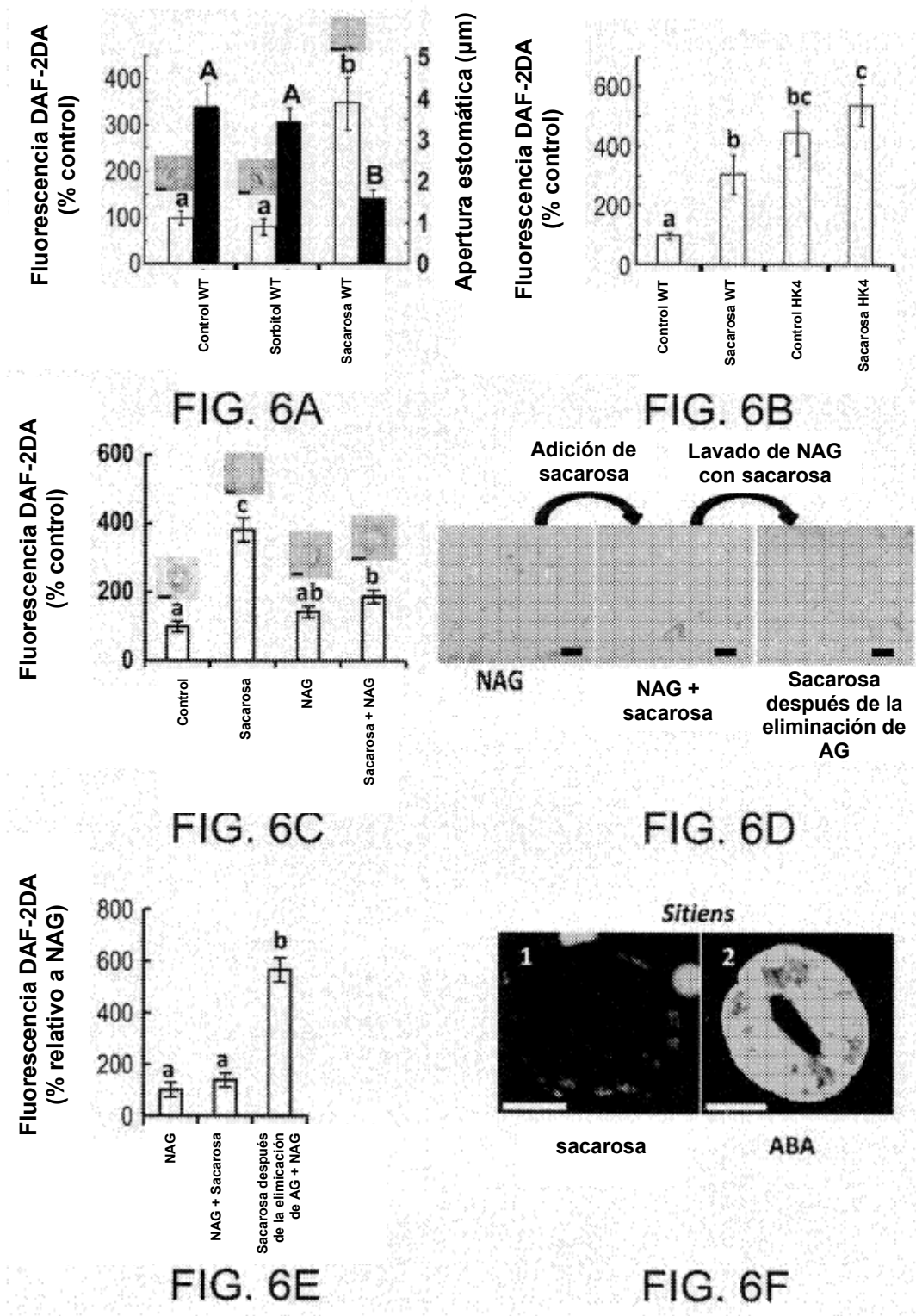


FIG. 7A

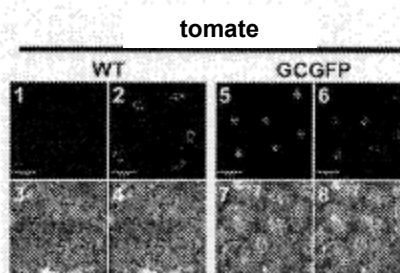


FIG. 7B

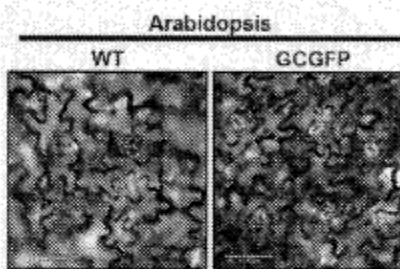


FIG. 7C



FIG. 7D



FIG. 7E



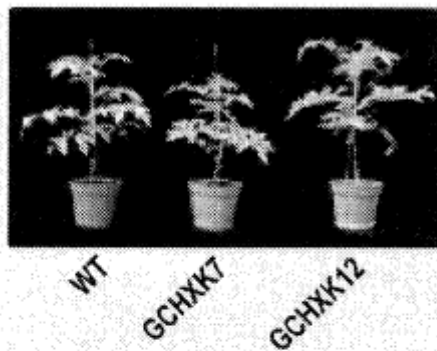


FIG. 8A

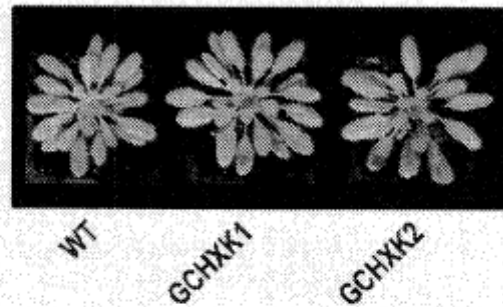


FIG. 8D

Conductancia estomática
($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2}\text{s}^{-1}$)

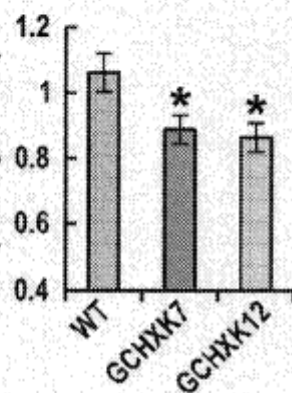


FIG. 8B

Conductancia estomática
($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2}\text{s}^{-1}$)

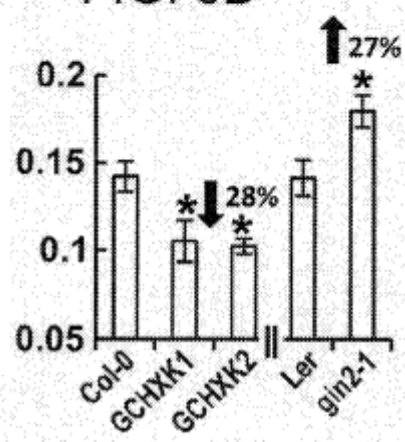


FIG. 8E

Transpiración rel. (%)

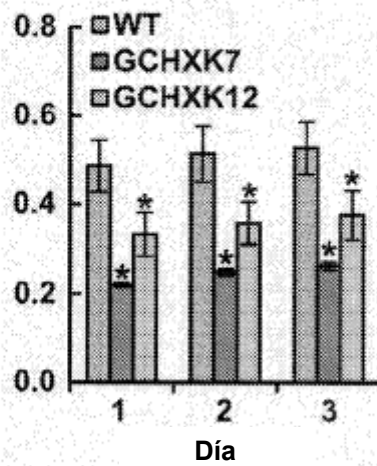


FIG. 8C

Transpiración
($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2}\text{s}^{-1}$)

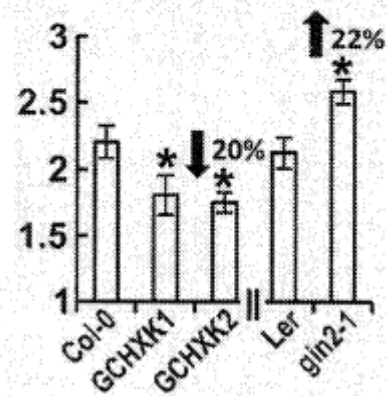
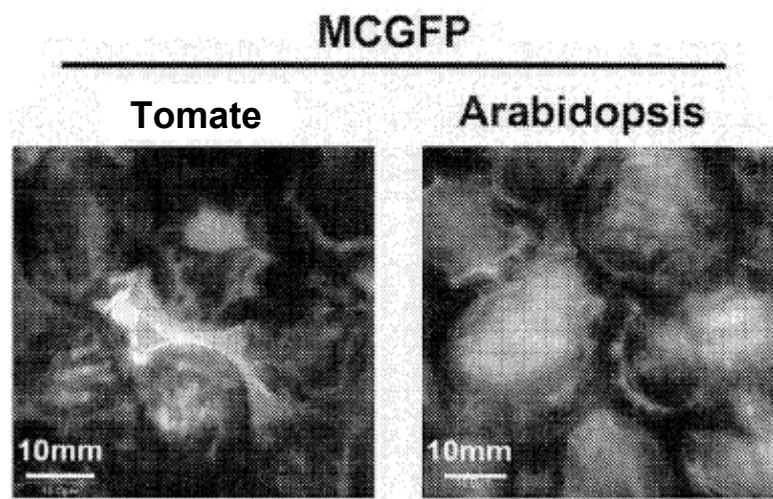
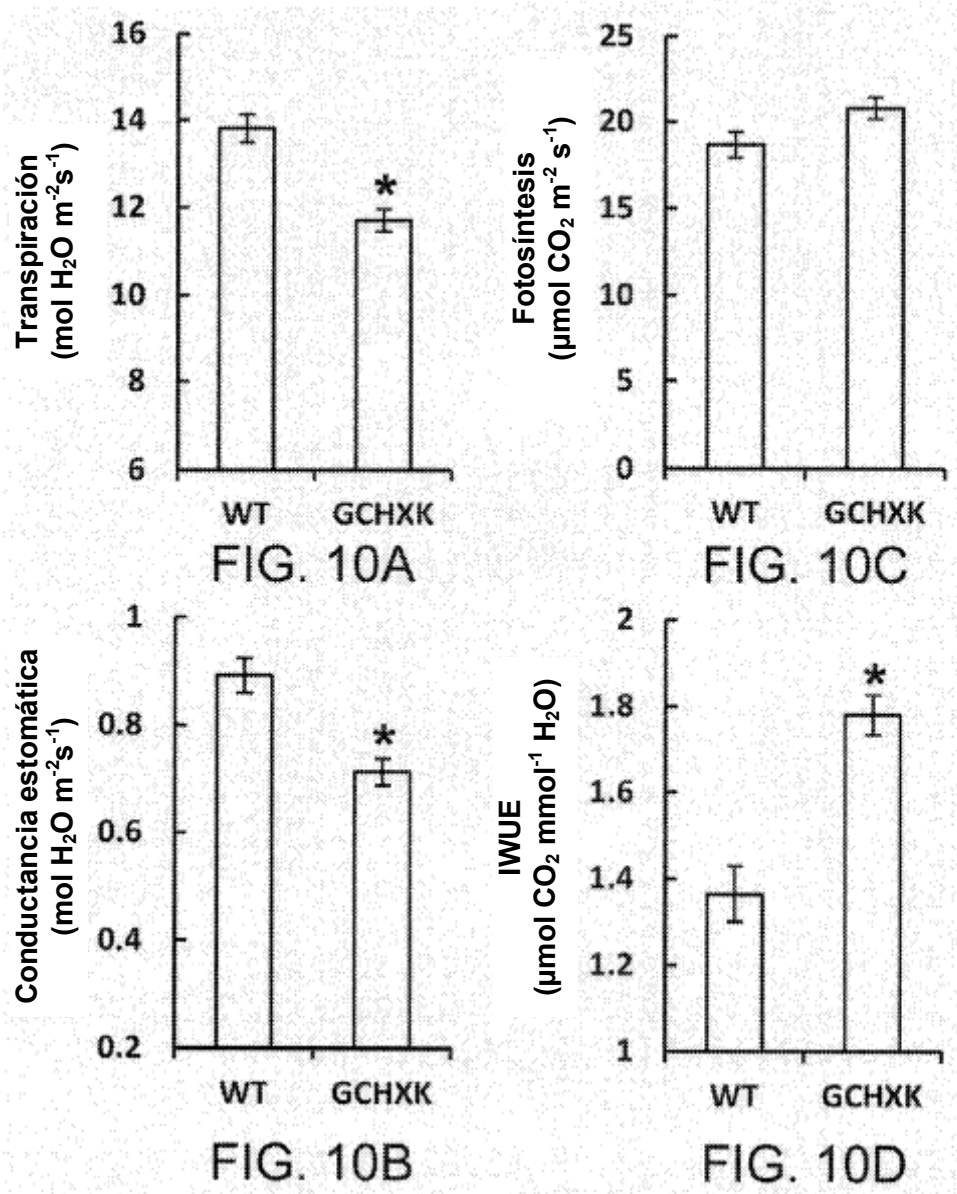


FIG. 8F

FIG. 9





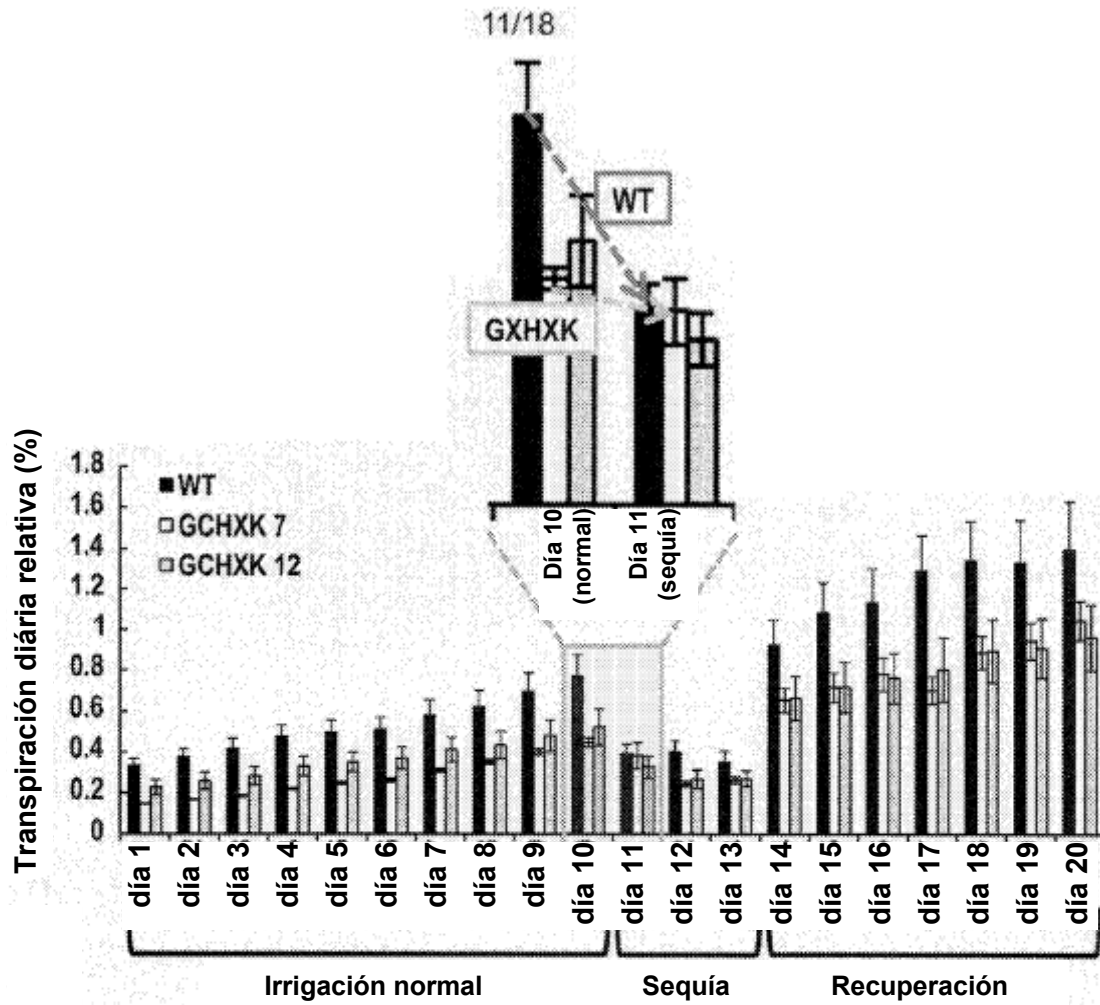
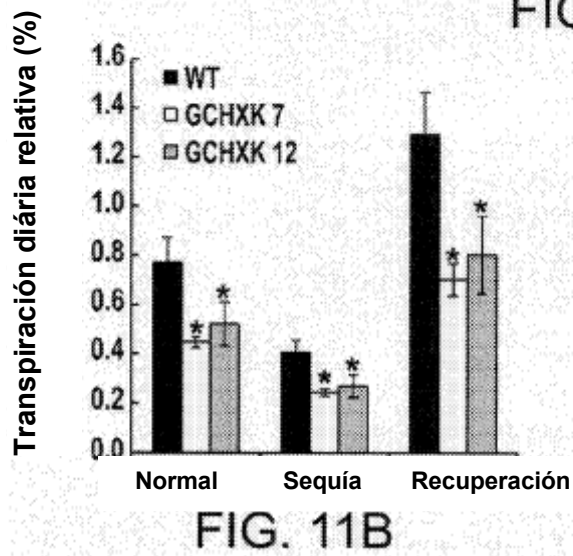
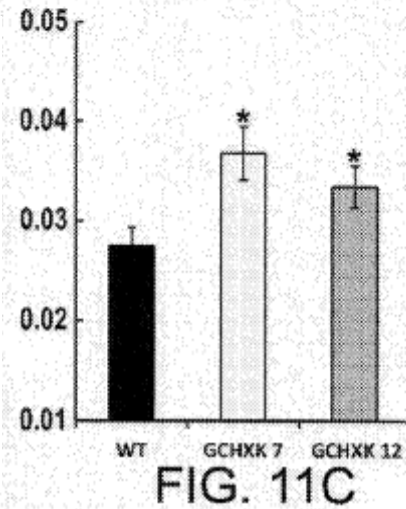
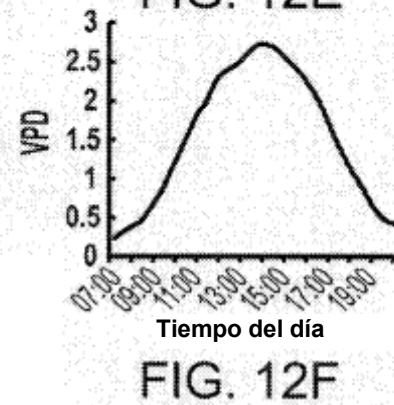
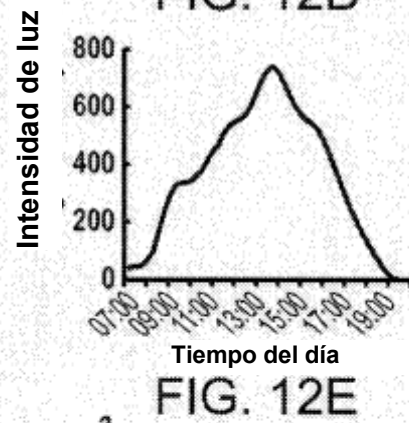
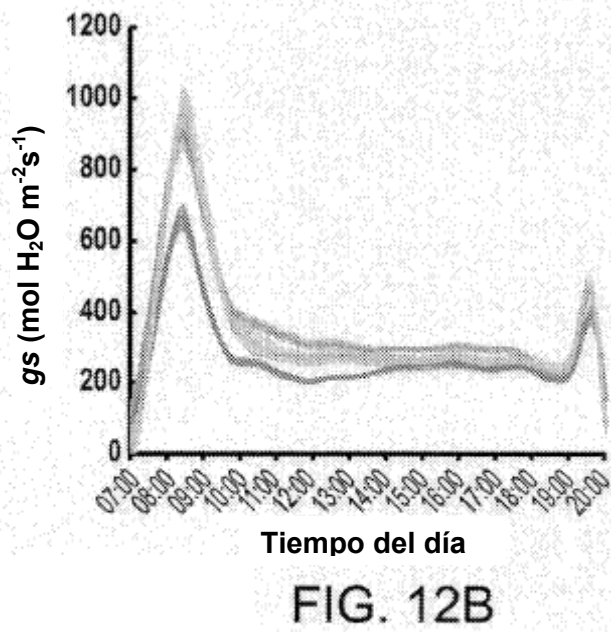
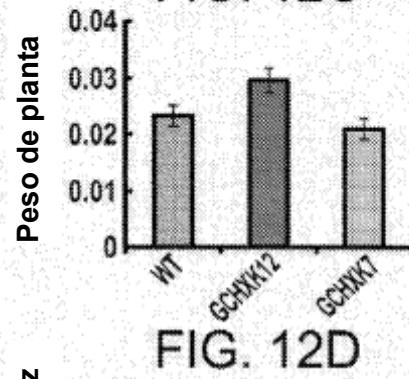
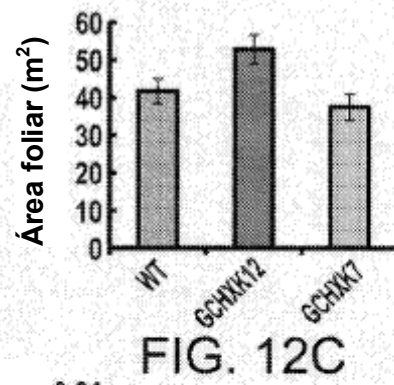
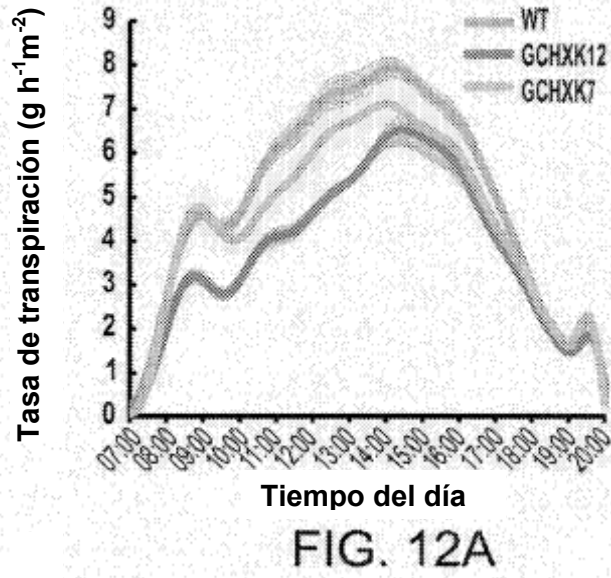


FIG. 11A



Eficiencia del uso del agua (acumulación de peso/pérdida de agua)





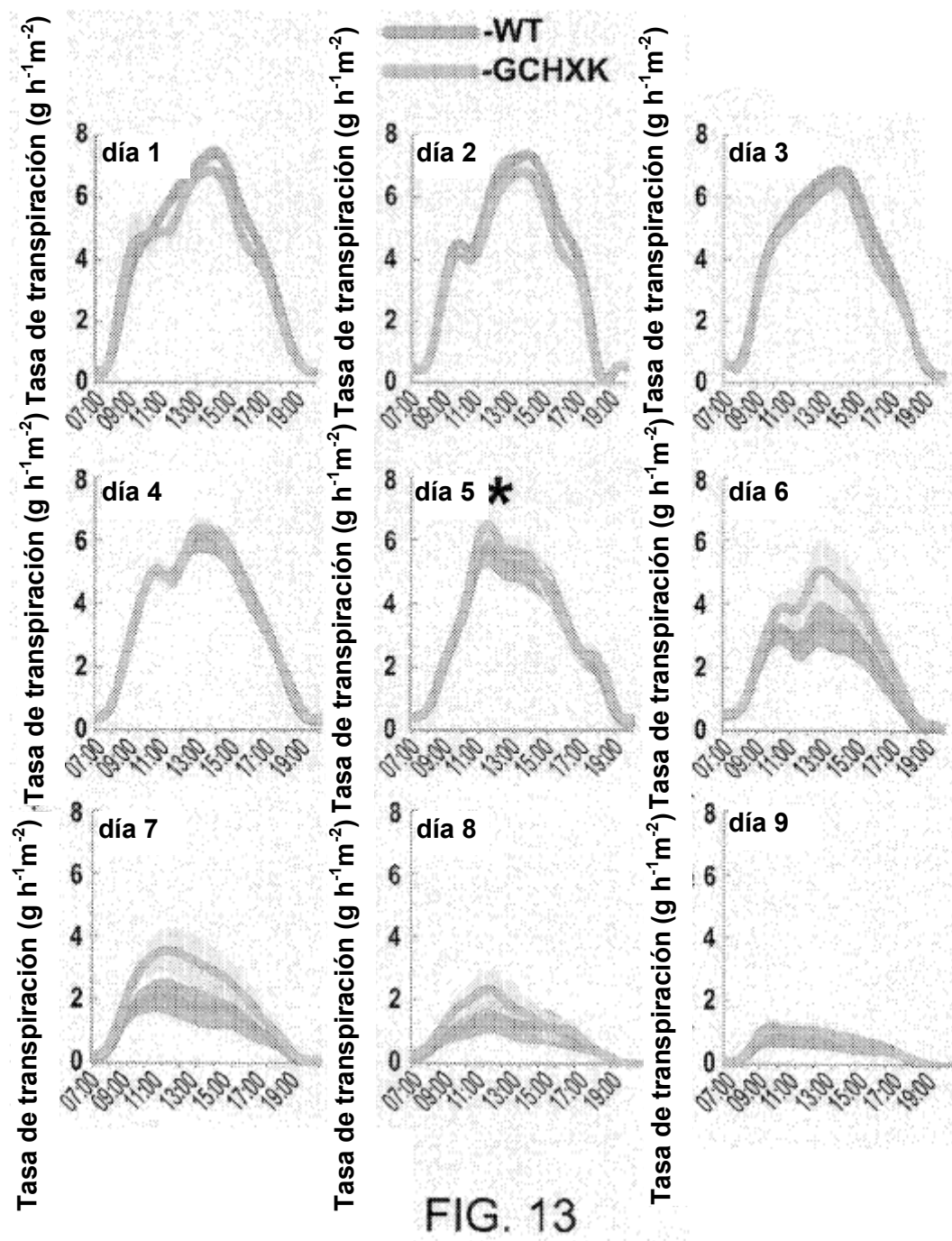


FIG. 13

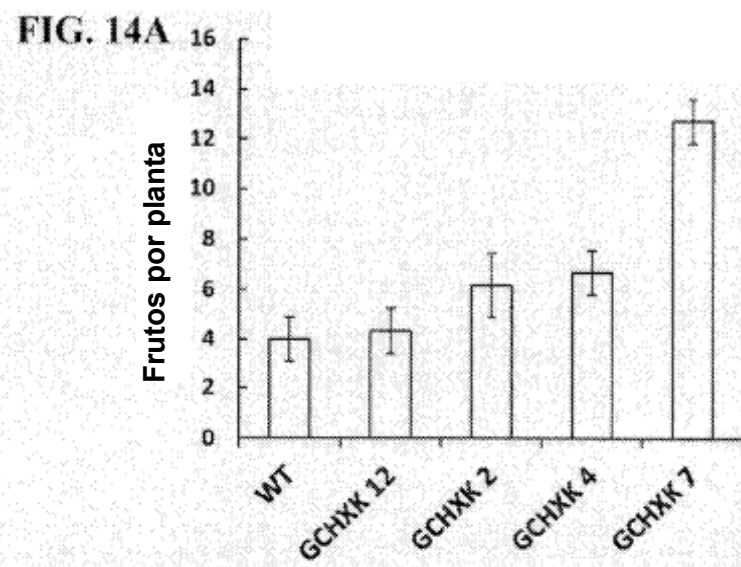


FIG. 14B

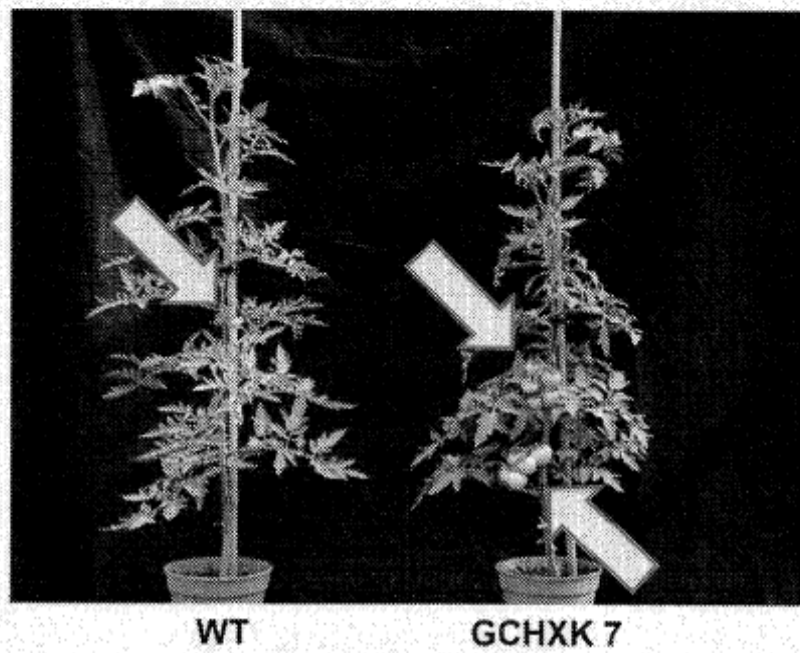


FIG. 15A

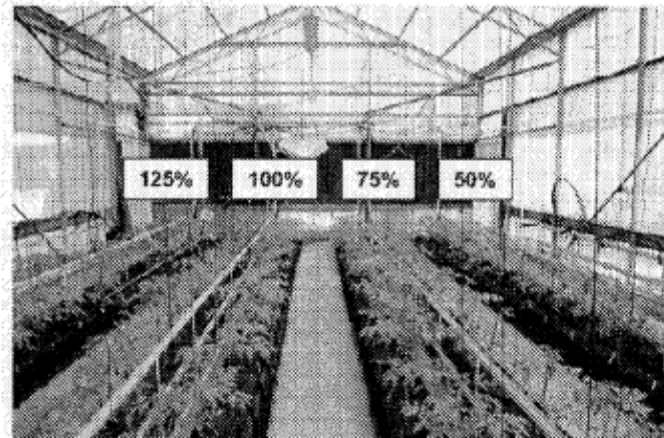


FIG. 15B

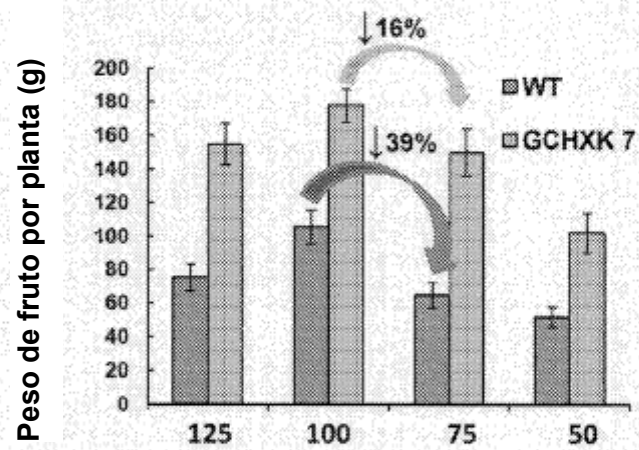
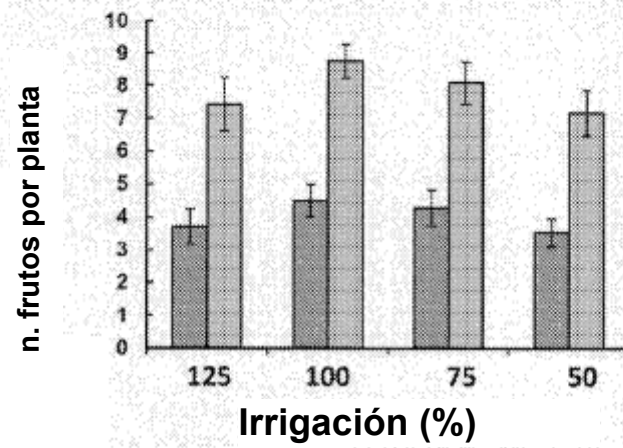
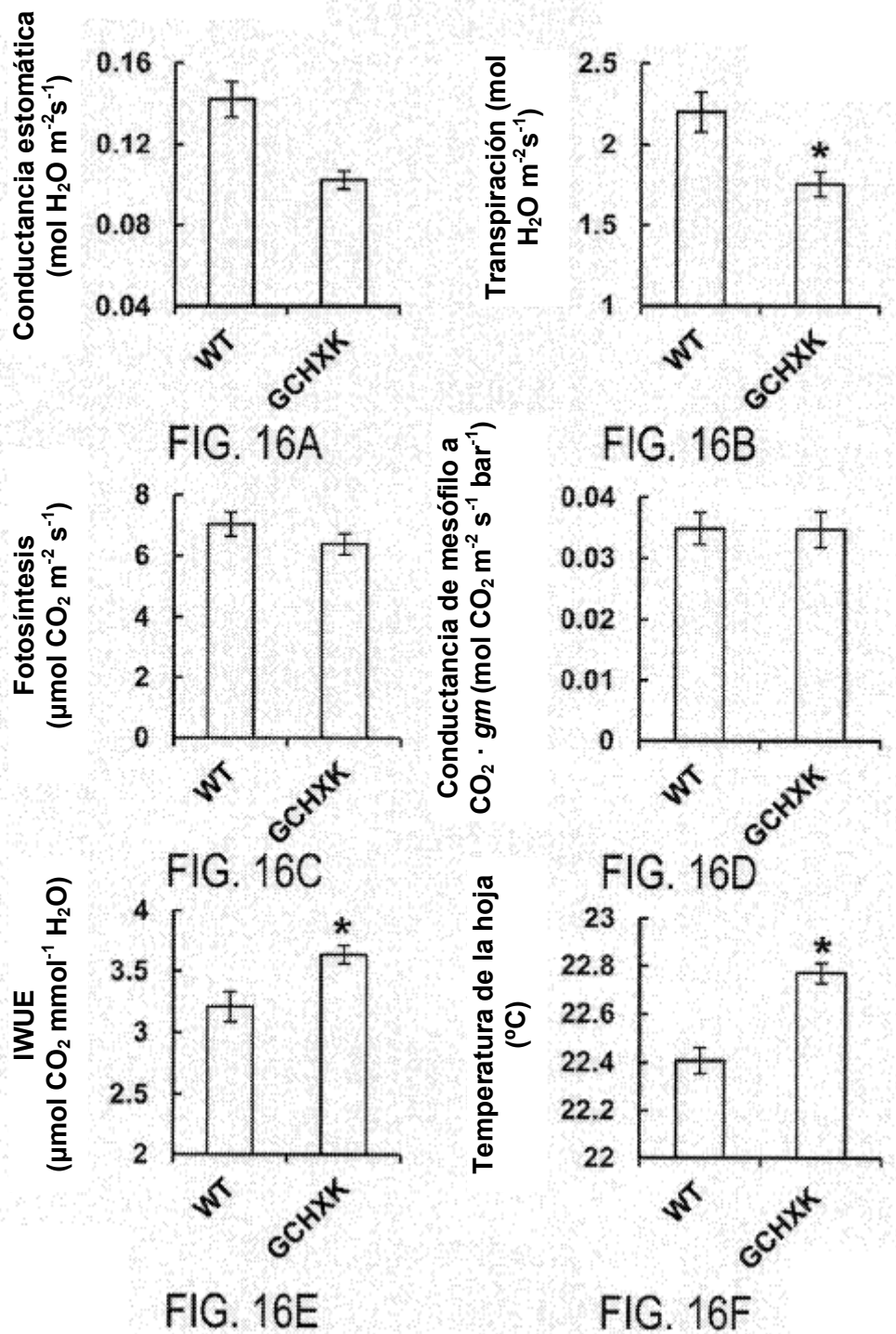


FIG. 15C



Arabidopsis:



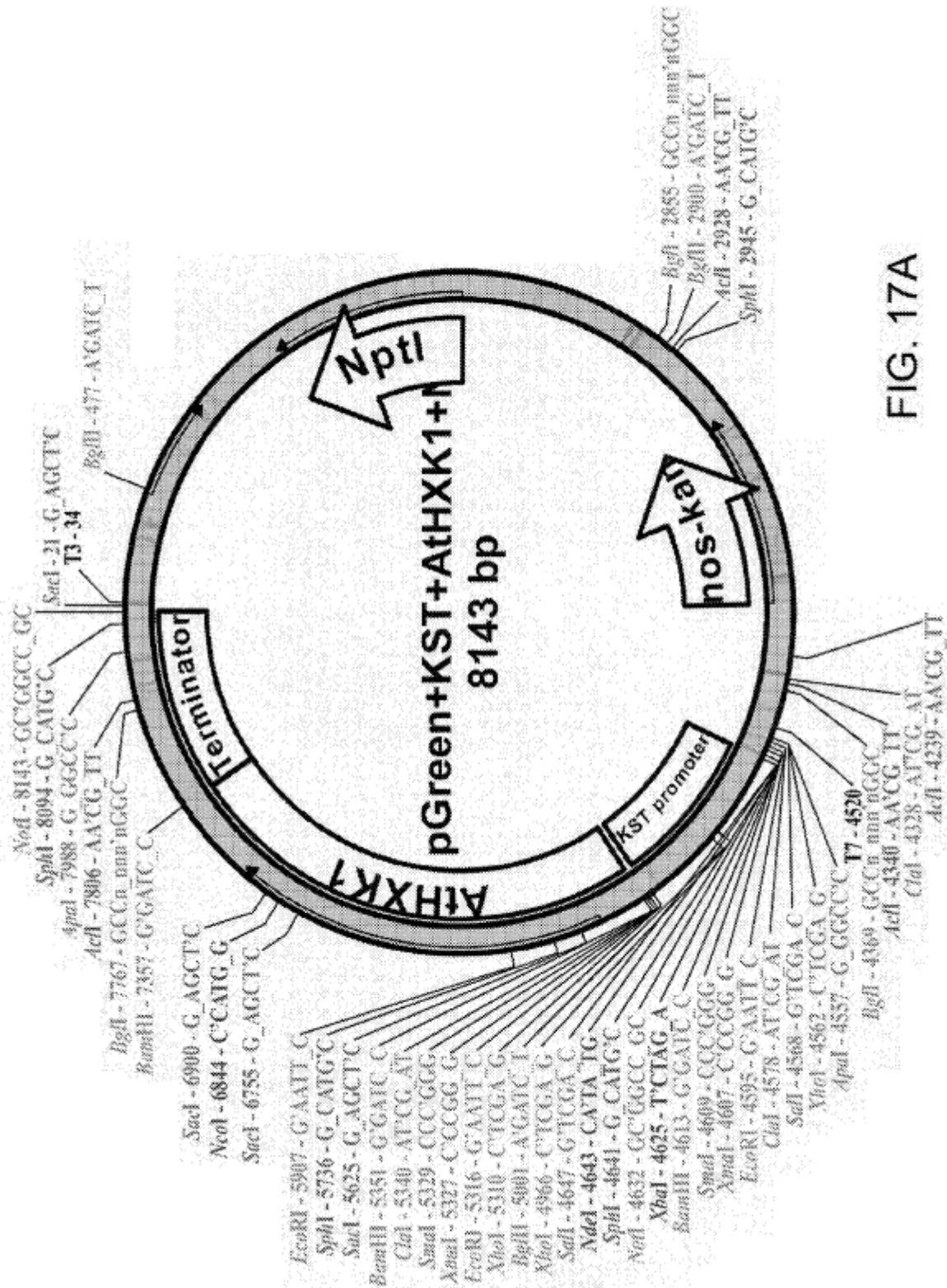


FIG. 17A

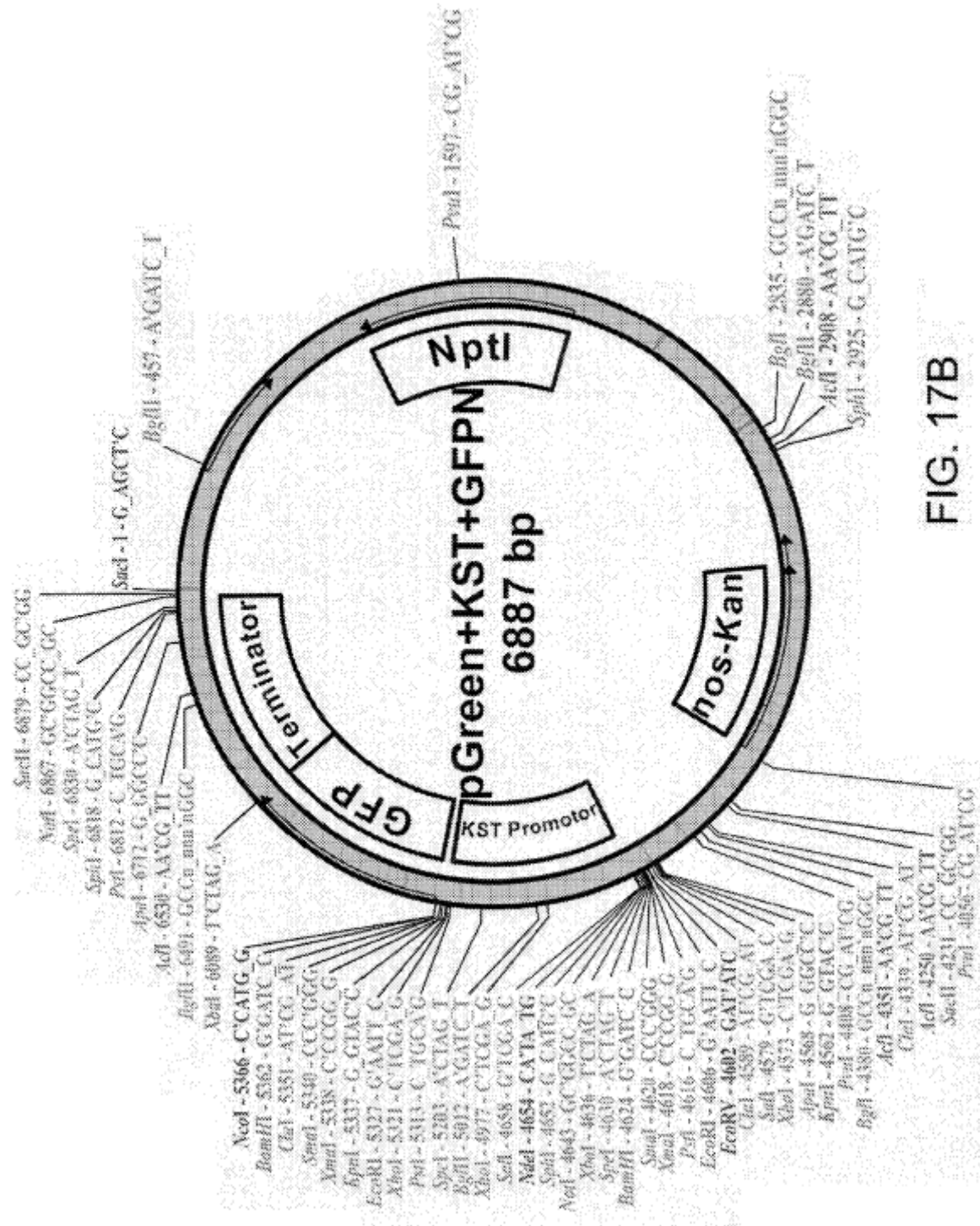


FIG. 17B