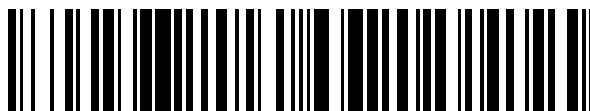


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 674 922**

51 Int. Cl.:

C12N 9/88 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **15.08.2013 PCT/US2013/055198**

87 Fecha y número de publicación internacional: **20.02.2014 WO14028772**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **15.08.2013 E 13829902 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **13.06.2018 EP 2885407**

54 Título: **Enzimas degradantes de pectina a partir de macrofomina phaseolina y usos de las mismas**

30 Prioridad:

16.08.2012 US 201261683914 P

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

05.07.2018

73 Titular/es:

**BANGLADESH JUTE RESEARCH INSTITUTE
(100.0%)
Manik Mia Avenue
Dhaka 1207, BD**

72 Inventor/es:

**ALAM, MAQSUDUL;
ISLAM, MOHAMMED, SHAHIDUL;
HOSSEN, MOHAMMED, MOSADDEQUE;
HAQUE, MOHAMMED, SAMIUL y
ALAM, MOHAMMED, MONJURUL**

74 Agente/Representante:

SÁEZ MAESO, Ana

ES 2 674 922 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

Enzimas degradantes de pectina a partir de macrofomina phaseolina y usos de las mismas

5 Campo de la invención

La presente invención se refiere a polipéptidos aislados de *M. phaseolina* que tienen actividad de pectato liasa y polinucleótidos aislados que codifican los polipéptidos, y a métodos para preparar y utilizar estos polinucleótidos y polipéptidos. La invención también se refiere a construcciones de ácidos nucleicos, vectores y células hospedadoras que comprenden los polinucleótidos así como a métodos para producir y utilizar los polipéptidos. Los polipéptidos de la invención se pueden utilizar, entre otras cosas, en la industria textil para la reticulación y el desgomado de fibras y tejidos; en la industria alimentaria para la extracción de zumos de frutas y verduras; en la industria del papel para la producción de papel de buena calidad; y también para la fermentación del café y el té, la extracción de aceite y el tratamiento de aguas residuales pécticas.

15

Antecedentes de la invención

La pectina es un grupo de heteropolímeros complejos, presente en la laminilla media de la pared celular de la planta primaria y actúa como cemento intercelular. También tienen una función importante en la regulación del agua de las plantas debido a su naturaleza coloidal. Las laminillas medias que se encuentran entre las paredes celulares se forman principalmente a partir de protopectina (una forma insoluble de pectina).

20

La pectina está compuesta de dos regiones definidas diferentes: regiones "lisa" y "capilar". La región "lisa" consiste en una columna vertebral de ácido D-galacturónico α -1, 4-ligado, formando un ácido poligalactourónico con algunos de los grupos carboxilo esterificados con metanol (Rouse A. Pectin: distribution, significance. In: Nagy S, Shaw P, Veldhuis Meds. Citrus Science and Technology, Vol. I. Westport CT: AVI publishing Inc. 1977). En la región "capilar", la cadena principal de ácido galacturónico se descompone por la unidad de L-ramnosa unida por α -1, 2.

25

Las pectina/pectato liasas despolimerizan la pectina en la región lisa, que dividen los enlaces glicosídicos mediante la β -eliminación para producir oligómeros que tienen extremo no reductor 4, 5-insaturados (Lombard V, Bernard T, Rancurel C, Brumer H, Coutinho PM, Henrissat B. A hierarchical classification of polysaccharide lyases for glycogenomics. Biochem J. 2010; 432(3):437-444). Mientras que la ramnogalacturonasa se segmenta en las regiones capilares de la pectina (Jensen MH, Otten H, Christensen U, Borchert TV, Christensen LL, Larsen S, Leggio LL. Structural and biochemical studies elucidate the mechanism of rhamnogalacturonan lyase from *Aspergillus aculeatus*. J Mol Biol. 2010; 404(1):100-111).

30

35

La pectina esterasa hidroliza la pectina a metanol y ácido poligalacturónico. Esta enzima puede ser producida por varios hongos incluyendo *Aspergillus* sp, *Botrytis cinerea*, *Fusarium moniliforme*, *Rhizopus stolonifer*, *Trichoderma* sp. etc. (Polizeli ML, Jorge JA, Terenzi HF. Pectinase production by *Neurospora crassa*: purification and biochemical characterization of extracellular polygalacturonase activity, J. Gen. Microbiol. 1991; 137: 1815-1823). Pero *Aspergillus* es la principal fuente para la producción comercial de pectina esterasa (Torres EF, Aguilar C, Esquivel JCC, Gonzales GV. Pectinasa. In: Enzyme Technology, Pandey, A., Webb, C., Soccol, C.R., Larroche, C (Eds), Asiatech Publishers Inc., Nueva Delhi, India, 2005. pp. 273-296).

40

Las enzimas de degradación de pectina son herramientas importantes en la industria alimentaria, principalmente para el procesamiento de frutas y verduras, tales como la producción de zumos de fruta o la elaboración de vino. Otras áreas de aplicación incluyen la industria de pulpa y papel (Reid I, Ricard M. Pectinase in papermaking: solving retention problems in mechanical pulps bleached with hydrogen peroxide. Enz. Microbiol. Technol. 2000; 26:115-123), alimentación animal (Barreto de Menezes TJ, Salva JG, Baldini VL, Papini RS, Sales AM. Protein enrichment of citrus wastes by solid substrate fermentation. Proc. Biochem. 1989; 23:167-171), reengrasado de lino y otras fibras vegetales (Hoondal GS, Tiwari RP, Tiwari R, Dahiya N, Beg QK. Microbial alkaline pectinases and their applications: a review. Appl. Microbiol. Biotechnol. 2000; 9:409-418), fermentación de té y café (Gar JG. Tea, coffee and cocoa. In: wood BJB, editor. Microbiology of fermented foods. 1985; vol 2. London: Elsevier Sci. Ltd. pp:133-154), extracción de aceite (Scott D. Enzymes, industrial. In: Encyclopedia of Chemical Technology. Grayson M, Ekarth D and Othmer K (eds), 1978; Wiley, NY. pp: 173-224), biodetechado de fibras de algodón (Singh R, Saxena S, Gupta R. Microbial pectinolytic enzymes: A review. Proc. Biochem. 2005; 40:2931-2944), desgomado de fibras de plantas de plantas (Kapoor M, Beg QK, Bhushan B, Singh K, Dadich KS, Hoondal GS. Application of alkaline and thermostable polygalacturonase from *Bacillus* sp. MGcp-2 in degumming of ramie (*Boehmeria nivea*) and sunn hemp (*Crotolaria juncia*) bast fibers. Proc. Biochem. 2001; 36:803-817), industria textil (Karmakar SR. Chemical technology in the pretreatment processes of textiles. In: Textile science and technology series 1st ed., Amsterdam: Elsevier Science B.V. 1999; p. 12) y gestión de residuos (Kashyap DR, Vohra PK, Chopra S, Tewari R. Applications of pectinases in the commercial sector: a review. Biores. Technol. 2001; 77:215-227). El documento WO 98/45393 divulga composiciones detergentes que contienen protopectinasa con notable detergencia contra la suciedad fangosa.

50

55

60

Estas enzimas se utilizan individualmente o en forma de cóctel (mezcla) en la industria. Por ejemplo, en la industria alimentaria se utiliza como enzima individual, como la pectina esterasa requerida para la gelificación, así como la

65

combinación de diferentes enzimas, como la pectina esterasa con poligalacturonasa requerida para la licuefacción del material vegetal (Heldt-Hansen HP, Kofod LV, Budolfsen G, Nielsen PM, Hüttel S, Bladt T. Application of tailor made pectinases. In: Visser J and Voragen AJG (eds), Pectin and Peactnases. Progress in Biotechnology. 1996; 14:463-474).

5 Se ha informado sobre la clonación y expresión de varias de estas enzimas obtenidas de *Aspergillus niger*. El documento EP 0 278 355 describe la clonación del gen de pectina liasa, la secuencia del mismo y la expresión. El documento EP 0 353 188 añade algunas otras pectina liasas. El documento EO 0 421 919 describe dos poligalacturonasas y se ha descrito otra endopoligalacturonasa en el documento EP 0 388 593. Ambas solicitudes de patente utilizaban *Aspergillus niger* como fuente del gen. El documento WO 94/14952 describe tres enzimas con actividad endo-poligalacturonasa que pueden
10 obtenerse a partir de *Aspergillus aculeatus*. Sin embargo, no se informó publicación sobre la clonación de genes que codifican enzimas que degradan pectina de *M. phaseolina*.

La presente invención adopta un enfoque genómico para divulgar los genes y sus proteínas codificadas de las enzimas de degradación de pectina derivadas de *M. phaseolina* que se pueden utilizar, entre otros, en procesos o propósitos
15 industriales.

Resumen de la invención

Entre otras cosas, la presente invención se refiere a enzimas de degradación de pectina que son derivables de *M. phaseolina*. La presente descripción también se refiere al uso del hongo *M. phaseolina* en la degradación de la pectina.
20

El objeto principal de la presente invención es divulgar los conjuntos de secuencias de nucleótidos que codifican pectato liasa (SEQ ID NO: 1, y 2, del hongo *M. phaseolina*. Para cada gen de la invención, un marco de lectura abierto (ORF) se derivó manualmente de la secuencia genómica respectiva eliminando las secuencias predichas del intrón y empalmado las secuencias del exón. También se incluyen vectores, vectores de expresión y células hospedadoras que comprenden los genes de la enzima.
25

Además, la invención proporciona secuencias polipeptídicas deducidas de las secuencias de ORF de los genes. Las secuencias polipeptídicas de la invención corresponden a las de la pectato liasa (SEQ ID NO: 3. La presente invención también se refiere a un polinucleótido aislado que comprende el complemento de las secuencias de nucleótidos descritas anteriormente.
30

Otro objeto de la presente invención es proporcionar la biología molecular y la información genética de los genes y enzimas establecidos en el objeto primario a explotar/utilizar para la regulación, la conversión de la degradación de pectina para la producción de valiosos productos industriales.
35

Además, el objeto de la presente invención es facilitar la producción in vitro del polipéptido que degrada la pectina, y la presente invención también incluye una construcción de expresión capaz de expresar un polipéptido que contiene al menos un 80% de aminoácidos secuenciales como se expone en la SEQ ID No 3. Preferiblemente, la construcción de expresión ha insertado ADN o ADNc con nucleótido secuencial tal como se expone en la SEQ ID NO: 2.
40

Otro objeto de la presente invención divulga una construcción génica recombinante que comprende un molde de polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos expuesta en la SEQ ID NO: 2, en donde el molde de polinucleótido es expresable en una célula huésped para producir una enzima que degrada la pectina. Preferiblemente, la construcción génica recombinante comprende además una región promotora operativamente unida para mejorar la expresión del molde de polinucleótido.
45

Una de las realizaciones preferidas de la presente invención es la cepa ms6 de *M. phaseolina* aislada de una planta de yute infectada. El polipéptido aislado también se deriva preferiblemente de esta cepa.
50

Además, el objeto de la presente descripción es proporcionar una forma comercialmente factible de aislar la enzima de degradación de pectina de *M. phaseolina* para mantenerse al día con la creciente demanda global de, entre otras cosas, la producción de zumo de fruta, productos textiles, extracción de pulpa y papel, café, té y aceite.

55 Un objeto adicional de la divulgación se dirige a utilizar las sustancias que degradan pectina en el procesamiento de alimentos para animales, zumos de frutas, productos textiles, pulpa y papel, café, té y extracción de aceite, reticulación/desgomado de fibras de plantas.

Cualquiera o todas estas utilidades pueden desarrollarse en un kit para su comercialización como productos de investigación o como suministros para usos industriales y de otro tipo. Los kits pueden comprender polinucleótidos y/o polipéptidos que corresponden a uno o más genes de *M. phaseolina* de la invención, anticuerpos y/u otros reactivos.
60

En un primer aspecto, la invención proporciona una secuencia de polinucleótidos aislada que es al menos un 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos indicada en la SEQ ID NO: 1 o 2, o cualquier combinación de las mismas o el complemento de la misma, donde dicho polinucleótido codifica una secuencia pectato liasa.
65

5 En un segundo aspecto, la invención proporciona una sonda de ácido nucleico aislada que hibrida en condiciones de rigurosidad media con una secuencia de polinucleótidos aislada que comprende una secuencia de nucleótidos expuesta en la SEQ ID NO: 1 o 2, o cualquier combinación de las mismas o el complemento de la misma, en el que dicho polinucleótido codifica una pectato liasa, y en el que dichas condiciones de rigurosidad media incluyen hibridación con ADN unido a filtro en cloruro de sodio/citrato de sodio (SSC) 6x a aproximadamente 45°C seguido de uno o más lavados en 0.2xSSC/0.1% SDS en aproximadamente 50 a aproximadamente 65°C.

10 En un tercer aspecto, la invención proporciona una molécula nucleica que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada del primer aspecto ininterrumpida por el codón de parada dentro de una secuencia codificante que codifica una proteína o péptido heterólogo.

En un cuarto aspecto, esta invención proporciona un vector recombinante que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada del primer aspecto.

15 En un quinto aspecto, la invención proporciona una construcción de expresión que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada del primer aspecto, en la que la secuencia de polinucleótidos está operativamente asociada a una secuencia reguladora de nucleótidos que contiene señales reguladoras transcripcionales o traduccionales, o ambas, que controla la expresión de la secuencia de nucleótidos en una célula huésped.

20 Un sexto aspecto de la invención proporciona una célula huésped modificada genéticamente que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada del primer aspecto.

Un séptimo aspecto de la invención proporciona un método para preparar un polipéptido que comprende las etapas de:

25 i. cultivar una célula transformada con una construcción de expresión del quinto aspecto en condiciones efectivas para producir el polipéptido; y

ii. aislar el polipéptido

30 Un octavo aspecto de la invención proporciona un polipéptido aislado que comprende una secuencia de aminoácidos que es al menos 80% idéntica a una secuencia de aminoácidos expuesta en la SEQ ID No. 3 o cualquier combinación de las mismas, y muestra la actividad catalítica de pectato liasa

35 Un noveno aspecto de la invención proporciona una proteína quimérica que comprende un polipéptido del octavo aspecto fusionado mediante un enlace covalente a una secuencia de aminoácidos de un segundo polipéptido.

Un décimo aspecto de la invención proporciona una célula huésped, que comprende la construcción de expresión del quinto aspecto.

40 En un undécimo aspecto de la invención se proporciona un hongo transgénico de *M. phaseolina*, que comprende la construcción de expresión del quinto aspecto.

45 Un experto en la técnica apreciará fácilmente que la presente invención está bien adaptada para llevar a cabo los objetos y obtener los fines y las ventajas mencionados, así como los inherentes a los mismos. Las realizaciones descritas en este documento no pretenden ser limitaciones o restricciones del alcance de la invención.

Estas y otras características, aspectos y ventajas de la presente invención se entenderán mejor con referencia a la siguiente descripción y reivindicaciones.

50 Breve descripción de los dibujos

Los dibujos adjuntos, que se incorporan y forman parte de la memoria descriptiva, ilustran las realizaciones de la presente invención y otra descripción; y junto con la divulgación, sirven para explicar los principios de la invención.

55 La Figura 1 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa de la SEQ ID NO. 1 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.

60 La Figura 2 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 4 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.

65 La Figura 3 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ. ID NO. 7 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.

- La Figura 4 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 10 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 5 La Figura 5 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 13 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 10 La Figura 6 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ. ID NO. 16 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 15 La Figura 7 es la imagen del gel de agarosa sometido a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 19 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 20 La Figura 8 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa de la divulgación de la SEQ. ID NO. 22 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 25 La Figura 9 es la imagen del gel de agarosa sometido a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 28 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 30 La Figura 10 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 31 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 35 La Figura 11 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 34 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 40 La Figura 12 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 37 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 45 La Figura 13 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 40 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 50 La Figura 14 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 es un polinucleótido de pectato liasa C de la divulgación de la SEQ. ID NO. 43 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 55 La Figura 15 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de pectinesterasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 46 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 60 La Figura 16 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de pectinesterasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 49 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 65 La Figura 17 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la pectinesterasa de la divulgación de la SEQ ID NO. 55 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 60 La Figura 18 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la ramnogalacturonasa de la divulgación de la SEQ. ID NO. 58 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 65 La Figura 19 es la imagen de gel de agarosa sometida a electroforesis que muestra el resultado de la amplificación por PCR en el que la franja 1 son polinucleótidos de la ramnogalacturonasa de la divulgación de la SEQ. ID NO. 61 y la franja M es una escalera de peso molecular de ADN.
- 65 Descripción detallada de la invención

Las definiciones y/o métodos proporcionados en este documento definen la presente invención y guían a los expertos en la técnica en la práctica de la presente invención. Salvo que se establezca lo contrario, los términos deben entenderse según el uso convencional por parte de los expertos en la técnica pertinente. En la medida en que se encuentre que cualquiera de las definiciones y/o métodos es inconsistente con cualquiera de las definiciones y/o métodos proporcionados en cualquier referencia encontrada en otra parte, se entiende que dicha definición y/o método ha sido expresamente proporcionado/adoptado en esta solicitud se utilizará aquí. Los términos singulares “un”, “una” y “el” incluyen referentes plurales a menos que el contexto indique claramente lo contrario. De manera similar, la palabra “o” tiene la intención de incluir “y” a menos que el contexto indique claramente lo contrario. Por tanto, “que comprende A o B” significa que incluye A, o B, o A y B. Además, debe entenderse que todos los tamaños de bases o tamaños de aminoácidos, y todos los valores de peso molecular o masa molecular, dados para ácidos nucleicos o polipéptidos son aproximado, y se proporcionan para la descripción. Aunque los métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en este documento pueden utilizarse en la práctica o prueba de la presente divulgación, los métodos y materiales adecuados se describen a continuación.

La presente invención y la divulgación relacionada proporcionan las secuencias de nucleótidos de los genes de *M. phaseolina* implicados en la degradación de pectina. Los genes codifican proteínas con actividad enzimática degradadora de pectina que se usa en una industria que incluye alimentos, alimentación animal, papel, extracción de aceite, textiles, aguas residuales o de interés para una industria. A continuación, se describen los genes de la invención y otros genes de la divulgación, su identificación, caracterización, modificación y métodos de uso en diversos procesos industriales.

Las secuencias de nucleótidos del ADN genómico de *M. phaseolina* se obtuvieron mediante un esfuerzo de secuenciación de ADN agresivo y al azar de genoma completo. El ADN genómico se preparó a partir de un aislado de *M. phaseolina* ms6 que se aisló de la planta de yute infectada (*Corchorus* spp.). Las secuencias de nucleótidos generadas se ensamblaron para formar contigs y andamios por el ensamblador Newbler. Las secuencias de nucleótidos fueron anotadas inicialmente por los programas de software, como Augusto, Glimmer M (The Institute of Genome Research, Rockville, Md.) y Prueba Modeler (EVM), que pueden identificar regiones putativas de codificación, intrones, y uniones de empalme. Se realizó una curación automatizada y manual adicional de las secuencias de nucleótidos para refinar y establecer una caracterización precisa de las regiones codificantes y otras características génicas.

Las secuencias genómicas de la invención y las secuencias de la divulgación que codifican las enzimas de degradación de pectina se identifican principalmente por comparación de las secuencias de nucleótidos de ADN genómico de *M. phaseolina* y las secuencias de nucleótidos de genes de enzimas conocidas de otros microorganismos. Las secuencias de nucleótidos de estos genes de *M. phaseolina*, los marcos de lectura, las posiciones de los exones y los intrones, la estructura de las enzimas y su utilidad potencial en diversas industrias, como las relacionadas con la fabricación de alimentos y piensos, bebidas y textiles y detergentes, no se conocían.

Se secuenciaron parcial o completamente más de 14000 ADNc de *M. phaseolina*. Entre ellos, se descubrieron veintidós ADNc que codifican nuevas enzimas con funciones putativas en la degradación de la pectina.

Los marcos de lectura abiertos (ORF) se analizaron siguiendo la secuenciación total o parcial de clones de las colecciones de ADNc derivadas de ARNm de *M. phaseolina* y se analizan adicionalmente mediante el uso de software de análisis de secuencias, y mediante la determinación de la homología con secuencias conocidas en bases de datos (públicas/privadas).

En el contexto de esta divulgación, varios términos utilizados a lo largo de la divulgación tienen los significados indicados a menos que se indique expresamente que tienen un significado diferente.

El término “gen”, como se usa en el presente documento, se define como las secuencias genómicas del hongo *M. phaseolina*, particularmente la secuencia de polinucleótidos que codifica el polipéptido de la serie de enzimas. El término puede incluir además las moléculas de ácido nucleico que comprenden las secuencias de nucleótidos de cadena arriba, cadena abajo y/o de intrón.

El término “marco de lectura abierto (ORF)”, significa una serie de tripletes de nucleótidos que codifican aminoácidos sin ningún codón de terminación y la secuencia de triplete es traducible en proteína utilizando la información de uso de codón apropiado para un organismo particular.

Una “secuencia codificante” o “región codificante” se refiere a una molécula de ácido nucleico que tiene información de secuencia necesaria para producir un producto génico, tal como un aminoácido o polipéptido, cuando se expresa la secuencia. La secuencia codificante puede comprender secuencias no traducidas (por ejemplo, intrones o regiones 5' o 3' no traducidas) dentro de regiones traducidas, o pueden carecer de dichas secuencias interpuestas no traducidas (por ejemplo, como en ADNc).

Como se usa en este documento, un “polinucleótido” es una secuencia de nucleótidos tal como un fragmento de ácido nucleico. Un polinucleótido puede ser un polímero de ARN o ADN que es de cadena sencilla o cadena doble, que opcionalmente contiene bases de nucleótidos sintéticas, no naturales o alteradas. Un polinucleótido en forma de un polímero de ADN puede estar compuesto por uno o más segmentos de ADNc, ADN genómico, ADN sintético o mezclas

de los mismos. Un polinucleótido aislado de la presente invención también se puede derivar de la SEQ ID No. 1, o el complemento de dicha secuencia. Un polinucleótido aislado de la divulgación también se puede derivar de SEQ ID Nos, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58, 61, 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59 y 62, o el complemento de dichas secuencias.

5 “Aislado” significa alterado “por la mano del hombre” del estado natural. Si una composición o sustancia ocurre en la naturaleza, se ha “aislado” si se ha cambiado o eliminado de su entorno original, o ambos. Por ejemplo, un polinucleótido o un polipéptido presente de manera natural en una planta o animal vivo no está “aislado”, pero el mismo polinucleótido o polipéptido separado de los materiales coexistentes de su estado natural está “aislado”, tal como se emplea aquí el término.

10 El término “recombinante”, cuando se usa en este documento para referirse a un polipéptido o proteína, significa que un polipéptido o proteína se deriva de sistemas de expresión recombinantes (por ejemplo, microbianos o de mamífero). “Microbiano” se refiere a polipéptidos recombinantes o proteínas fabricadas en sistemas de expresión bacterianos o fúngicos. Los polipéptidos o proteínas expresados en la mayoría de los sistemas bacterianos, por ejemplo, *Escherichia coli*, estarán libres de modificaciones de glicosilación; los polipéptidos o proteínas expresados en hongos estarán glicosilados.

15 El término “vector” se refiere a un plásmido, fago, cósmido, levadura o virus, una secuencia de replicación artificial (ARS) o un cromosoma artificial para expresar un polipéptido a partir de una secuencia de nucleótidos. El término “vector” también pretende referirse a una molécula de ácido nucleico capaz de transportar otro ácido nucleico al que se ha unido. Un tipo de vector es un “plásmido”, que se refiere a un bucle circular de ADN de cadena doble en el que se pueden ligar segmentos de ADN adicionales. Otro tipo de vector es un vector viral, donde se pueden ligar segmentos de ADN adicionales en el genoma viral. Ciertos vectores son capaces de replicación autónoma en una célula hospedadora en la que se introducen (por ejemplo, vectores bacterianos que tienen un origen bacteriano de replicación y vectores episómicos de mamífero). Otros vectores pueden integrarse en el genoma de una célula hospedadora después de la introducción en la célula hospedadora, y de ese modo se replican junto con el genoma huésped. Además, ciertos vectores son capaces de dirigir la expresión de los genes a los que están vinculados operativamente. Dichos vectores se denominan en el presente documento “vectores de expresión recombinantes” (o simplemente, “vectores de expresión”). En general, los vectores de expresión de utilidad en las técnicas de ADN recombinante a menudo están en forma de plásmidos. En la presente especificación, “plásmido” y “vector” pueden utilizarse indistintamente ya que el plásmido es la forma de vector usada más comúnmente. Sin embargo, la invención pretende incluir tales otras formas de vectores de expresión, tales como vectores víricos (por ejemplo, retrovirus con replicación defectuosa, adenovirus y virus adenoasociados), que cumplen funciones equivalentes.

20 El término “vector de expresión” se define en este documento como una molécula de ADN lineal o circular que comprende un polinucleótido que codifica un polipéptido de la invención, que está operativamente unido a nucleótidos adicionales que proporcionan su expresión.

25 El término “construcción de expresión” puede comprender un conjunto de un elemento o elementos genéticos que tienen una función reguladora en la expresión génica, por ejemplo, promotores o potenciadores, o una secuencia codificante que se transcribe en ARN, ARNm y se traduce en proteína, y que está operativamente unida al promotor o secuencias de iniciación y terminación de la transcripción apropiadas.

30 El término “operativamente unido” denota aquí una configuración en la que una secuencia de control se coloca en una posición apropiada con respecto a la secuencia codificante de la secuencia de polinucleótidos de manera que la secuencia de control dirija la expresión de la secuencia codificante de un polipéptido.

35 El término “célula huésped”, como se usa en el presente documento, incluye cualquier tipo de célula que sea susceptible de transformación, transfección, transducción y similares con una construcción de ácido nucleico o vector de expresión que comprende un polinucleótido de la presente invención.

40 El término “células hospedadoras recombinantes” generalmente significa células cultivadas que comprende una unidad de transcripción recombinante, y expresará polipéptidos o proteínas heterólogos, y ARN codificado por el segmento de ADN o gen sintético en la unidad de transcripción recombinante. Las células pueden ser procarióticas o eucarióticas.

45 “Polipéptido” como se usa en el presente documento, es una cadena lineal simple de aminoácidos unidos entre sí mediante enlaces peptídicos, y que tiene una secuencia de más de 100 aminoácidos de longitud.

50 El término “promotor”, como se usa en el presente documento, se refiere a una secuencia de ácido nucleico que funciona para dirigir la transcripción de un gen cadena abajo. El promotor generalmente será apropiado para la célula huésped en la que se expresa el gen objetivo. El promotor junto con otras secuencias de ácido nucleico reguladoras de la transcripción y la traducción (también denominadas “secuencias de control”) es necesario para expresar un gen dado. En general, las secuencias reguladoras transcripcionales y traduccionales incluyen, pero no se limitan a, secuencias promotoras, sitios de unión ribosómica, secuencias de inicio y parada transcripcionales, secuencias de inicio y final de la traducción y secuencias potenciadoras o activadoras.

5 El término “in vitro” como se usa en el presente documento, en general se refiere a una reacción biológica que ocurre en un entorno artificial fuera de un organismo vivo, que generalmente se lleva a cabo en un laboratorio utilizando componentes de un organismo que han sido aislados de su usual contexto biológico para permitir que se realice un análisis más detallado o más conveniente.

10 El término “% de homología” se usa indistintamente aquí con el término “% de identidad” y normalmente se refiere al nivel de identidad de secuencia de ácido nucleico o aminoácido entre la secuencia de ácido nucleico que codifica cualquiera de los polipéptidos de la invención o la secuencia de aminoácidos del polipéptido inventivo, cuando se alinea utilizando un programa de alineamiento de secuencias.

15 Por ejemplo, como se usa en este documento, 80% de homología significa lo mismo que 80% de identidad de secuencia determinada por un algoritmo definido, y por consiguiente un homólogo de una secuencia dada tiene más de 80% de identidad de secuencia a lo largo de la secuencia dada.

Los niveles ejemplares de identidad de secuencia incluyen, pero sin limitación, 80, 85, 90, 95, 98% o más de identidad de secuencia para una secuencia dada, por ejemplo, la secuencia de codificación para uno cualquiera de los polipéptidos de la invención, tal como se describe aquí.

20 Los programas informáticos a modo de ejemplo que pueden utilizarse para determinar la identidad entre dos secuencias incluyen, entre otros, el conjunto de programas BLAST, por ejemplo, BLASTN, BLASTX y TBLASTX, BLASTP y TBLASTN, accesibles públicamente en www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST.

25 Las búsquedas de secuencia se llevan a cabo típicamente utilizando el programa BLASTN cuando se evalúa una secuencia de ácido nucleico dada con respecto a las secuencias de ácido nucleico en las secuencias de ADN de GenBank y otras bases de datos públicas. Se prefiere el programa BLASTX para buscar secuencias de ácido nucleico que se han traducido en todos los marcos de lectura frente a secuencias de aminoácidos en las Secuencias de Proteínas GenBank y otras bases de datos públicas.

30 Se realiza una alineación preferida de las secuencias seleccionadas para determinar el “% de identidad” entre dos o más secuencias usando, por ejemplo, el programa CLUSTAL-W.

35 El término “cebador” tal como se usa en el presente documento, es un oligonucleótido capaz de unirse a una secuencia de ácido nucleico diana y cebar la síntesis de ácido nucleico. Un oligonucleótido de amplificación como se define aquí será preferiblemente de 10 a 50, más preferiblemente de 15 a 25 nucleótidos de longitud. Los oligonucleótidos de amplificación de la presente invención pueden sintetizarse químicamente.

40 La abreviatura utilizada en toda la especificación para referirse a ácidos nucleicos que comprenden secuencias de nucleótidos son las abreviaturas convencionales de una letra. Por lo tanto, cuando se incluyen en un ácido nucleico, los nucleótidos que codifican que se producen de forma natural se abrevian de la siguiente manera: adenina (A), guanina (G), citosina (C), timina (T) y uracilo (U). Además, a menos que se especifique lo contrario, las secuencias de ácido nucleico presentadas en este documento es la dirección 5'→ 3'.

45 Como se usa en este documento, el término “complementario” y sus derivados se utilizan en referencia al emparejamiento de ácidos nucleicos por las reglas bien conocidas de que A se empareja con T o U y C se empareja con G. El complemento puede ser “parcial” o “completo”. En complemento parcial, solo algunas de las bases de ácido nucleico se emparejan de acuerdo con las reglas de emparejamiento de bases; mientras que en complemento completo o total, todas las bases se emparejan de acuerdo con la regla de emparejamiento. El grado de complemento entre las cadenas de ácido nucleico puede tener efectos significativos sobre la eficacia y la fuerza de la hibridación entre las cadenas de ácido nucleico, como es bien conocido en la técnica. Esto puede ser particular en el método de detección que depende de la unión entre ácidos nucleicos.

50 Las secuencias de ADN de la invención se generaron mediante reacciones de secuenciación y pueden contener errores menores que pueden existir como nucleótidos, inserciones y/o deleciones mal identificados. Sin embargo, tales errores menores, si están presentes, no deberían perturbar la identificación de las secuencias como un gen de *M. phaseolina* que codifica una enzima de interés industrial, y están específicamente incluidos dentro del alcance de la invención.

55 Se abarcan por la presente invención secuencias de nucleótidos genómicas y secuencias codificantes de genes que codifican enzimas de *M. phaseolina* de interés industrial. De acuerdo con lo anterior, en una realización, se proporciona la SEQ ID No. 2 que identifica una secuencia de nucleótidos del marco de lectura abierto (ORF) de un gen identificado. En otra realización, se proporcionan las secuencias genómicas del gen identificado por SEQ ID No. 1. De acuerdo con la descripción, SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, y 62, y/o cualquier mezcla/combinación de los mismos, cada uno de los cuales identifica una secuencia de nucleótidos del marco de lectura abierto (ORF) de un gen identificado. La descripción también proporciona las secuencias genómicas de los genes identificados por las SEQ ID Nos. 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 55, 58 y 61, y/o cualquier mezcla/combinación de los mismos, se proporcionan.

Como se usa en este documento, "gen" se refiere a (i) un gen que comprende y/o que consiste al menos en una de las secuencias de nucleótidos y/o fragmentos de las mismas que se exponen en las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61; (ii) cualquier secuencia de nucleótidos o fragmento de la misma que codifica la secuencia de aminoácidos que se exponen en las SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63; (iii) cualquier secuencia de nucleótidos que se hibrida con el complemento de las secuencias de nucleótidos expuestas en las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61 en condiciones de rigurosidad media, por ejemplo, hibridación con ADN unido a filtro en una cantidad apropiada/efectiva de cloruro de sodio/citrato de sodio (SSC) 6x a un nivel de temperatura apropiado/efectivo, tal como 45°C (aproximadamente) seguido de uno o más lavados en una cantidad apropiada/efectiva de SDS, como SSC/0.1% SDS 0.2x, a un nivel de temperatura apropiado/efectivo, como 50 a 65°C (aproximadamente), o bajo condiciones de rigurosidad, por ejemplo, hibridación con ácido nucleico fijado al filtro en una cantidad apropiada/efectiva de SSC, tal como 6x SSC, a un nivel de temperatura apropiado/efectivo, tal como 45°C (aproximadamente), seguido de uno o más lavados en una cantidad apropiada/efectiva de SDS, tal como 0,1 l de SSC/0,2% de SDS, a un nivel de temperatura apropiado/eficaz, tal como 68°C (aproximadamente), o en otras condiciones de hibridación que son evidentes para los expertos en la técnica (véase, por ejemplo, Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Seidman JG, Smith JA, Struhl K. Current Protocols in Molecular Biology, 1994; Green Publishing Associates, Inc. y John Wiley & Sons, Inc., Nueva York). Preferiblemente, los polinucleótidos que se hibridan con los complementos de las secuencias de ADN descritas en el presente documento codifican productos génicos, por ejemplo, productos génicos que son funcionalmente equivalentes a un producto génico codificado por uno de los genes de la enzima o fragmentos de los mismos.

Como se describió anteriormente, las secuencias de genes de la divulgación incluyen no solo secuencias de nucleótidos degeneradas que codifican las secuencias de aminoácidos de las SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63, sino también secuencias de nucleótidos degeneradas que cuando se traducen en organismos distintos de *M. phaseolina*, producirían un polipéptido que comprende una de las secuencias de aminoácidos de SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63, o un fragmento de los mismos. Un experto en la técnica sabría cómo seleccionar los codones apropiados o modificar las secuencias de nucleótidos de las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61, cuando se utilizan las secuencias de genes en *M. phaseolina* o en otros organismos. Por ejemplo, en *Candida albicans*, el codón CTG codifica un residuo de serina en lugar de residuo de leucina.

Las secuencias de nucleótidos de la invención pueden utilizarse como marcadores genéticos y/o marcadores de secuencia para ayudar al desarrollo de un mapa genético, físico o de secuencia del genoma de *M. phaseolina*. Las secuencias de nucleótidos y los productos génicos correspondientes de la invención también pueden utilizarse para detectar la presencia de *M. phaseolina*. La hibridación y los métodos basados en anticuerpos bien conocidos en la técnica se pueden utilizar para determinar la presencia y la concentración de las secuencias de nucleótidos y los productos génicos correspondientes de la invención.

Las secuencias de nucleótidos también se pueden utilizar para identificar inhibidores de las enzimas que pueden tener efectos terapéuticos, dado el hecho de que las enzimas pueden desempeñar una función en la invasión de un huésped durante una infección.

En otra realización, además de las secuencias de nucleótidos de *M. phaseolina* descritas anteriormente, también se incluyen homólogos u ortólogos de los genes de la invención que pueden estar presentes en *M. phaseolina* y otras especies de hongos. Particularmente preferidos son homólogos u ortólogos en hongos filamentosos. Estos genes enzimáticos se pueden identificar y aislar mediante técnicas de biología molecular bien conocidas en la técnica.

El término "hongos" como se usa en el presente documento incluye los filamentos Ascomycota, Basidiomycota, Chytridiomycota y Zygomycota (Hawksworth DL, Kirk PM, Sutton BC, Pegler DN. Ainsworth y Bisby's Dictionary of the Fungi (8ª Ed.). 1995; CAB International, Wallingford, Reino Unido, 616p) y levadura. Los grupos representativos de Ascomycota incluyen, por ejemplo, *Neurospora*, *Penicillium*, *Aspergillus*. Los grupos representativos de Basidiomycota incluyen hongos, royas y carbones. Los grupos representativos de Chytridiomycota incluyen *Allomyces*, *Blastocladiella*, *Coelomomyces*. Los grupos representativos de Zygomycota incluyen, por ejemplo, *Rhizopus* y *Mucor*.

El término "hongos filamentosos" incluye todas las formas filamentosas de hongos. Los hongos filamentosos se caracterizan por un micelio vegetativo compuesto de quitina, celulosa, glucano, quitosano, manano y otros polisacáridos complejos. El crecimiento vegetativo se realiza por elongación de hifas y el catabolismo de carbono es obligatoriamente aeróbico.

Por consiguiente, la presente invención también proporciona secuencias de nucleótidos fúngicas que pueden hibridarse con los polinucleótidos de los genes. La divulgación incluye un ácido nucleico aislado que comprende y/o que consiste en una secuencia de nucleótidos que es idéntica al menos en un 50% a un nucleótido. secuencia seleccionada del grupo que comprende y/o que consiste en: SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62,

1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61, y/o cualquier mezcla/combinación de los mismos.

5 La divulgación también incluye un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de nucleótidos fúngicos que se hibrida en condiciones de rigurosidad media con un segundo ácido nucleico que consiste en una secuencia de nucleótidos seleccionada del grupo que comprende y/o que consiste en SEQ ID No .2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61, y/o cualquier mezcla/combinación de los mismos.

10 La descripción también incluye un ácido nucleico aislado que comprende una secuencia de nucleótidos fúngica que codifica un polipéptido cuya secuencia de aminoácidos es idéntica al menos en un 50% a una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que comprende y/o consiste en SEQ ID Nos .3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63.

15 Las secuencias de nucleótidos de acuerdo con la descripción incluyen además secuencias de nucleótidos fúngicas que son al menos un 40% idénticas a las secuencias de nucleótidos expuestas en las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61.

20 Para aislar genes homólogos, la secuencia del gen de *M. phaseolina* descrita anteriormente puede marcarse y utilizarse para seleccionar una biblioteca de ADNc construida a partir de ARNm obtenido del organismo de interés, que incluye, pero no se limita a, *M. phaseolina*. Por consiguiente, sondas de ácidos nucleicos, preferiblemente marcadas detectablemente, que consisten en una cualquiera de las secuencias de nucleótidos de SEQ ID No. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59, 62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61 están incluidos en la divulgación. Las condiciones de hibridación pueden ser preferiblemente de menor rigurosidad cuando la biblioteca de ADNc se derivó de un organismo diferente del tipo de organismo del que se derivó la secuencia marcada. El cribado de ADNc también puede identificar clones derivados de transcritos alternativamente cortados y empalmados en la misma especie. Alternativamente, la sonda marcada puede utilizarse para explorar una biblioteca genómica derivada del organismo de interés, nuevamente, utilizando condiciones apropiadamente rigurosas. Las condiciones de baja rigurosidad serán bien conocidas por los expertos en la técnica, y variarán de forma predecible dependiendo de los organismos específicos de los que se derivan la biblioteca y las secuencias marcadas. (Detalles en Sambrook J, Russell DW. *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, tercera edición, 2001, Cold Spring Harbor Press, N.Y., y Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Seidman JG, Smith JA, Struhl K. *Current Protocols in Molecular Biology*, 1994; Green Publishing Associates, Inc. y John Wiley & Sons, Inc., Nueva York).

35 Además, se puede aislar una secuencia génica homóloga realizando una reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando dos grupos de cebadores de oligonucleótidos degenerados diseñados sobre la base de secuencias de aminoácidos dentro del gen de interés. La plantilla para la reacción puede ser ADNc obtenido por transcripción inversa de ARNm preparado a partir del organismo de interés. El producto de PCR se puede subclonar y secuenciar para garantizar que las secuencias amplificadas representen las secuencias de una secuencia de gen de enzima homóloga.

40 El fragmento de PCR puede utilizarse luego para aislar un clon de ADNc de longitud completa mediante una diversidad de métodos bien conocidos por los expertos en la técnica. Alternativamente, el fragmento marcado puede utilizarse para seleccionar una biblioteca genómica.

45 De acuerdo con la descripción, las secuencias del gen de *M. phaseolina* pueden utilizarse en el desarrollo de enzimas modificadas o novedosas que exhiben características químicas y/o físicas particularmente deseables. Debido a la aparente relación/similitud de las secuencias de aminoácidos entre las enzimas de *M. phaseolina* y otros hongos filamentosos, la estructura de una enzima de otro hongo puede utilizarse para predecir la estructura de la enzima *M. phaseolina* y ayudar en la modificación racional de la enzima *M. phaseolina* para propiedades útiles y superiores. Las secuencias proporcionadas también pueden utilizarse como materiales preparatorios para la modificación racional o el diseño de nuevas enzimas con características que permiten a las enzimas funcionar mejor en procesos exigentes.

50 Las secuencias de nucleótidos génicos se pueden alterar mediante técnicas de mutagénesis dirigidas al azar y al sitio o técnicas dirigidas de evolución molecular, tales como, pero sin limitación, los métodos descritos en (Arnold FH. *Protein engineering for unusual environments*. *Curr. Opin. Biotechnol.* 1993; 4:450-455), mutagénesis dirigida a oligonucleótidos (Reidhaar-Olson JF, Sauer RT. *Combinatorial cassette mutagenesis as a probe of the informational content of protein sequences*. *Science*, 1988; 241:53-57), mutagénesis química (Eckert KA, Drinkwater NR. *recA-dependent and recA-independent N-ethyl-N-nitrosourea mutagenesis at a plasmid-encoded herpes simplex virus thymidine kinase gene in E. coli*. *Mutat Res.* 1987; 178:1-10), mutagénesis dirigida al sitio (Kunkel TA. *Rapid and efficient site-specific mutagenesis without phenotypic selection*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1985; 82:488-492; Oliphant A, Nussbaum AL, Struhl K. *Cloning of randomsequence oligodeoxynucleotides*. *Gene* 1986; 44 177-183), PCR propensa a errores (Cadwell RC, Joyce GF. *Randomization of genes by PCR mutagenesis*. *PCR Methods Appl.* 1992; 2:28-33), mutagénesis en casete (Stauss Hj, Davies H, Sadovnikova E, Chain B, Horowitz N, Sinclair C. *Induction of cytotoxic T lymphocytes with peptides in vitro: identification of candidate T-cell epitopes in human papilloma virus*. *PNAS* 1992; 89(17): 7871-7875). Métodos de recombinación de ADN como se describe en Stemmer WP. *Mezclado de ADN por fragmentación aleatoria y reensamblaje:*

recombinación in vitro para la evolución molecular. PNAS 1994; 91 (22): 10747-10751 y en la patente de EE.UU. Nos. 5,605,793; 6,117,679; y 6,132,970, y los métodos como se describen en la patente de EE.UU. Nos. 5,939,250, 5,965,408, 6,171,820. Las mutaciones en la secuencia de nucleótidos se pueden determinar secuenciando el gen en los clones.

5 En una realización, el polinucleótido de 747 pb de longitud ilustrado en la SEQ ID No. 2 es la proteína pectato liasa codificada de clon de ADNc de longitud completa que exhibe un marco de lectura abierto que codifica un polipéptido de 248 aminoácidos, como en SEQ ID No. 3, con una masa molecular calculada de aproximadamente 26 kD. A través del análisis SMART de SEQ ID No. 2, revela la presencia del dominio Pfam pectato liasa en la secuencia. La pectato liasa es una enzima extracelular que cataliza la escisión eliminativa del pectato para producir oligosacáridos con grupos 4-desoxi-
10 alfa-D-gluc-4-enuronosilo en sus extremos no reductores. Esta enzima está involucrada en la degradación de la pectina.

La divulgación también se refiere a (a) vectores de ácido nucleico que comprenden y/o consisten en una secuencia de nucleótidos que comprende cualquiera de las secuencias anteriores de los genes y/o sus complementos; (b) construcciones de expresión que comprenden una secuencia de nucleótidos que consiste en y/o comprende cualquiera de las secuencias de codificación anteriores de los genes unidas operativamente con un elemento regulador que dirige la expresión de las secuencias de codificación; y (c) células hospedadoras recombinantes que comprenden y/o consisten en cualquiera de las secuencias anteriores del gen, que incluyen regiones codificantes unidas operativamente con un elemento regulador que dirige la expresión de las secuencias codificantes en las células hospedadoras.

20 Las técnicas para modificar secuencias de polinucleótidos que utilizan métodos de ADN recombinante son bien conocidas en la técnica. Las diversas secuencias se pueden unir de acuerdo con técnicas conocidas, tales como restricción, unión de sitios de restricción complementarios y ligado, extremo romo rellenando salientes y ligado romo o similares. Pueden emplearse enlaces de polietileno y adaptadores, cuando sea apropiado, e introducirse o eliminarse mediante técnicas conocidas para permitir la facilidad de ensamblaje de los vectores de ADN y las construcciones de expresión. Hay una gran cantidad de vectores disponibles para clonación y manipulación genética. Normalmente, la clonación puede realizarse en *E. coli*.

En otra realización de la invención, los vectores que comprenden una secuencia de gen de enzima de la invención pueden comprender además funciones de replicación que permiten la transferencia, el mantenimiento y la propagación de los vectores en una o más especies de células hospedadoras, que incluyen, entre otros: Células de *E. coli*, células fúngicas filamentosas, células de levadura y células de *Bacillus*. El vector puede contener cualquier medio para asegurar la autorreplicación. Alternativamente, el vector puede ser uno que, cuando se introduce en la célula huésped, se integra en el genoma y se replica junto con el cromosoma (s) en el que se ha integrado. La elección del vector dependerá típicamente de la compatibilidad del vector con la célula huésped en la que se va a introducir el vector.

35 La construcción de expresión de la invención comprende y/o consiste en un promotor, una secuencia de nucleótidos que codifica una secuencia génica de la invención, una secuencia de terminación de la transcripción y un marcador seleccionable (opcional). Se puede utilizar cualquier método conocido en la técnica para introducir esta construcción de expresión en una célula huésped. Las células fúngicas se pueden transformar mediante un proceso que implica la formación de protoplastos, la transformación de los protoplastos y la regeneración de la pared celular de una manera conocida per se. Los procedimientos adecuados para la transformación de células hospedadoras de *Aspergillus* y *Trichoderma* se describen en EP 238 023 and Yelton MM, Hames JE, Timberlake WE. Transformation of *Aspergillus nidulans* by using a *trpC* plasmid. PNAS, 1984; 81(5):1470-1474. Métodos adecuados para transformar especies de *Fusarium* se describen en Malardier L, Daboussi MJ, Julien J, Roussel F, Scazzocchio C, Brygoo Y. Cloning of the nitrate reductase gene (*niaD*) of *Aspergillus nidulans* and its use for transformation of *Fusarium oxysporum*. Gene 1989; 78:147-156, y WO 96/00787. La levadura se puede transformar utilizando los procedimientos descritos por Becker DM, Guarente L. High-efficiency transformation of yeast by electroporation. In: Abelson JN and Simon MI (eds), Guide to Yeast Genetics and Molecular Biology, Methods in Enzymology, 1991; 194:182-187, Academic Press, Inc., New York; Ito H, Fukuda Y, Murata K, Kimura A. Transformation of intact yeast cells treated with alkali cations. Journal of Bacteriology, 1983; 153: 163-168 and Hinnen A, Hicks JB, Fink GR. Transformation of yeast. PNAS, 1978; 75 (4):1929-1933.

Para aplicaciones industriales, las enzimas de la presente invención se producen mediante una célula fúngica. Preferiblemente, la célula huésped de expresión es una célula fúngica filamentosa que se ha usado en la fermentación industrial a gran escala. Se pueden elegir líneas celulares o sistemas anfitriones apropiados para garantizar la modificación y el procesamiento correctos de la proteína extraña expresada. Preferiblemente, se selecciona un hospedador de expresión que sea capaz de la secreción eficiente de sus proteínas endógenas. También se puede elegir una célula huésped por deficiencias en las actividades de proteasa extracelular ya que la enzima secretada puede degradarse en el medio de cultivo.

60 La presente invención también se refiere a métodos para producir un polipéptido de la presente invención, que comprende: (i) cultivar una célula, que en su forma silvestre es capaz de producir el polipéptido, en condiciones propicias para la producción del polipéptido; y (ii) recuperar el polipéptido. En un aspecto preferido, la célula es *M. phaseolina*.

La divulgación también se refiere a métodos para producir un polipéptido, que comprende: (i) cultivar una célula hospedadora en condiciones propicias para la producción del polipéptido, en el que la célula hospedadora comprende una secuencia de nucleótidos de las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59,

62, 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 o 61, en donde la secuencia de nucleótidos codifica un polipéptido que comprende o consiste en el polipéptido maduro de las SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 o 63, y (ii) recuperar el polipéptido.

5 La expresión de células huésped o transformantes puede cultivarse en un medio nutriente adecuado para el crecimiento y la expresión de proteínas utilizando métodos bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, la célula se puede cultivar mediante cultivo en matraz agitado y fermentación a pequeña escala o a gran escala (incluidas las fermentaciones en estado sólido continuas, discontinuas, alimentadas o en estado sólido) en fermentadores de laboratorio o industriales realizados en un medio adecuado y bajo condiciones permitiendo que el polipéptido se exprese y/o se aísle. El cultivo
10 tiene lugar en un medio nutriente adecuado que comprende fuentes de carbono y nitrógeno y sales inorgánicas, utilizando procedimientos conocidos en la técnica (ver en: Más manipulaciones génicas en hongos. Bennett JW, Lasure L., (eds). 1991; Academic Press, San Diego, CA). Si el polipéptido se secreta en el medio nutriente, el polipéptido se puede recuperar directamente del medio. Si el polipéptido no se secreta en el medio, puede recuperarse a partir de lisados
15 celulares.

Los polipéptidos se pueden detectar utilizando métodos conocidos en la técnica que son específicos para los polipéptidos. Estos métodos de detección pueden incluir el uso de anticuerpos específicos, la formación de un producto enzimático o la desaparición de un sustrato enzimático. Se puede utilizar un ensayo enzimático para determinar la actividad del
20 polipéptido.

El polipéptido producido puede recuperarse utilizando métodos conocidos en la técnica. El polipéptido puede recuperarse en diversos métodos del medio nutriente mediante procedimientos convencionales que incluyen, pero no se limitan a, filtración, centrifugación, extracción, secado por pulverización, evaporación y precipitación o combinación de los mismos.

25 Los polipéptidos de la presente invención y otros polipéptidos de la divulgación pueden purificarse mediante una variedad de procedimientos que son bien conocidos en la técnica, que incluyen, pero no se limitan a, el método de cromatografía (tal como intercambio iónico, de afinidad, hidrófobo, cromatografía de exclusión de tamaño), procedimientos electroforéticos (como enfoque isoeléctrico), solubilidad diferencial (como precipitación con sulfato de amonio), SDS-PAGE o extracción para obtener polipéptidos sustancialmente puros (ver detalles en Protein Purification, Principles, High
30 Resolution Methods and Applications. Janson JC, Rydén L. (eds). 1989; VCH Publishers Inc., Nueva York).

La descripción también relaciona aquellos productos génicos (por ejemplo, ARN o proteínas) que están codificados por las secuencias génicas expuestas en las SEQ ID Nos. 2, 5, 8, 11, 14, 17, 20, 23, 26, 29, 32, 35, 38, 41, 44, 47, 50, 53, 56, 59 y 62. Los productos del gen enzimático también incluyen aquellos ARN o proteínas que están codificados por las
35 secuencias genómicas de los genes como se expone en las SEQ ID Nos. 1, 4, 7, 10, 13, 16, 19, 22, 25, 28, 31, 34, 37, 40, 43, 46, 49, 52, 55, 58 y 61. Las enzimas comprenden una secuencia de aminoácidos seleccionado del grupo que comprende y/o consiste en las SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63.

Las enzimas muestran al menos una de las actividades de una enzima seleccionada del grupo que comprende y/o que
40 consiste en pectato liasa, pectato liasa C, pectinesterasa y ramnogalacturonasa. Los productos del gen de la enzima pueden producirse fácilmente, por ejemplo, mediante técnicas sintéticas o mediante métodos de tecnología de ADN recombinante utilizando técnicas que son bien conocidas en la técnica (véase, Creighton TE. Proteins: Structures and
Molecular Principles, 1983; WH Freeman and Co., NY)

45 Los métodos y composiciones de la divulgación también incluyen proteínas y polipéptidos que representan productos génicos funcionalmente equivalentes. Dichos productos génicos funcionalmente equivalentes incluyen, pero no se limitan a, variantes naturales de los polipéptidos que tienen una secuencia de aminoácidos expuesta en las SEQ ID Nos. 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 48, 51, 54, 57, 60 y 63.

50 Dichos productos génicos equivalentes pueden contener, por ejemplo, deleciones, adiciones o sustituciones de residuos de aminoácidos dentro de las secuencias de aminoácidos codificadas por las secuencias del gen de la enzima descritas anteriormente, pero que dan como resultado un cambio silencioso, produciendo así un producto funcionalmente
equivalente. Las sustituciones de aminoácidos se pueden hacer sobre la base de la similitud en polaridad, carga, solubilidad, hidrofobicidad, hidrofiliidad y/o la naturaleza anfipática de los residuos implicados.

55 Se pueden hacer otras modificaciones de las secuencias codificantes del producto génico descritas anteriormente para generar polipéptidos que son más adecuados, por ejemplo, para expresión, escalamiento, etc. en una célula hospedadora elegida. Por ejemplo, los residuos de cisteína pueden eliminarse o sustituirse con otro aminoácido para eliminar los
puentes disulfuro.

60 Otra realización de la presente invención incluye adicionalmente enzimas de la presente invención en forma sólida. Se pueden utilizar enzimas en forma sólida o granulado enzimático, por ejemplo, en detergente sólido y en alimento para animales. Los métodos para fabricar formas sólidas de enzimas son bien conocidos en la técnica, tales como, pero sin
65 limitación, formación de pepitas (enfriamiento por pulverización en un material ceroso), extrusión, aglomeración o granulación (dilución con un material inerte y aglutinantes). Se contemplan composiciones enzimáticas sólidas que comprenden una forma sólida de una enzima de la invención, en forma de polvo mixto, tabletas y similares.

La presente divulgación incluye en el contenido de las reivindicaciones adjuntas, así como el de la descripción anterior. Aunque esta invención se ha descrito en su forma preferida con un grado de carácter distintivo, se entiende que la presente divulgación de la forma preferida se ha realizado solo a modo de ejemplo y que numerosos cambios en los detalles de construcción y la combinación y disposiciones de partes pueden ser reclasificadas.

Ejemplo

El siguiente ejemplo pretende ilustrar adicionalmente la invención y otra descripción, sin ningún intento de que la invención se limite a las realizaciones específicas descritas en la misma.

Ejemplo 1 Aislamiento de ADN genómico de *M. phaseolina*

Se aisló ADN genómico de la cepa ms6 de *M. phaseolina* utilizando los procedimientos descritos por Kieser T, Bibb MJ, Buttner MJ, Chater KF, Hopwood Practical *Streptomyces* Genetics, 2000; John Innes Foundation, Norwich, UK, pp. 162-208. Brevemente, los micelios se rasparon de una placa de Petri madre utilizando un bucle de inoculación y se inocularon en un medio líquido de patata - dextrosa en un matraz cónico. El matraz cónico se incubó sin agitación durante aproximadamente 72 horas a 30°C. Los micelios crecen en la superficie en la interfaz aire-medio. Los micelios se cosecharon utilizando un palillo de dientes estéril y se colocaron entre toallas de papel estériles y varios se lavaron con solución fisiológica (tampón de fosfato de sodio pH 7,0). Los micelios se comprimieron para eliminar el exceso de líquido y los micelios recogidos se dejaron secar al aire durante 30 minutos. Los micelios semisecos se colocaron en nitrógeno líquido y se molieron para generar polvo fino y finalmente aislaron el ADN siguiendo el protocolo descrito en Kieser T, Bibb MJ, Buttner MJ, Chater KF, Hopwood DA. Practical *Streptomyces* Genetics, 2000; John Innes Foundation, Norwich, UK, pp. 162-208.

Ejemplo 2 Diseño y síntesis de cebadores

Los cebadores usados en el estudio se diseñaron a partir del transcriptoma curado manualmente y los "modelos de genes" predichos a partir de las secuencias genómicas de *M. phaseolina* ms6, eligiendo las secuencias manualmente con ORF completos o utilizando bases de datos donde genes similares han sido con éxito aislado de otras plantas. El análisis bioinformático comparativo de las secuencias de nucleótidos obtenidas a partir del transcriptoma se llevó a cabo utilizando NCBI BLAST, BLASTP, RPS-BLAST, BLASTX y PSI-BLAST para identificar homólogos de los genes relacionados y para la identificación apropiada del gen. Las alineaciones de secuencia de nucleótidos se realizaron utilizando ClustalW versión 1.82 siempre que se encontraron múltiples secuencias del "grupo de genes". La alineación fue editada. Los cebadores específicos de genes (tanto hacia adelante como hacia atrás) se seleccionaron manualmente o mediante la herramienta Primer 3 plus y los cebadores se sintetizaron a medida.

Todos los oligonucleótidos utilizados en este estudio fueron sintetizados y purificados por HPLC por el proveedor y adquiridos a Integrated DNA Technologies (IDT). Se preparó una solución madre de 100 pmoles en ddH₂O sometida a autoclave y se almacenó a -20 °C, en alícuotas para su uso.

Secuencias de oligonucleótidos utilizadas como cebadores para PCR

Nombre génico	SEQ ID NO:	Secuencia cebadora	Producto amplificado (bp)
Pectato liasa	1	TCATCACCGACCCACAATCGC Delantero (SEQ ID NO: 64)	859
		CTTAGCAAGCGGGAGCCGTC Inverso (SEQ ID NO: 65)	
Pectato liasa	4	CAGACAACGGCGTCGACAGT Delantero (SEQ ID NO: 66)	1029
		ACGGACCACATCCAACGCGA Inverso (SEQ ID NO: 67)	
Pectato liasa	7	ATGCCCTGGTACCCTGCCCC Delantero (SEQ ID NO: 68)	1010
		GAAAGGTCCCGGGCTCACGC Inverso (SEQ ID NO: 69)	
Pectato liasa	10	CCGCTCCTCTGTGCGTTGTTGAA Delantero (SEQ ID NO: 70)	1036
		ACAGCGATAGAGCCGCAACACG Inverso (SEQ ID NO: 71)	
Pectato liasa	13	TTTCTCACCACCACTTCCCCTCT Delantero (SEQ ID NO: 72)	982
		CGAAAGCCAGCCCAAGCGAC Inverso (SEQ ID NO: 73)	
Pectato liasa	16	GGCAAGCATCCTCTCTCCGGC Delantero (SEQ ID NO: 74)	921
		CCTGAGGCCCATCGTCCGAGT Inverso (SEQ ID NO: 75)	

Pectato liasa	19	TCCCTGCCTCTCCATCCTACCCT Delantero (SEQ ID NO: 76)	1083
		CCAACCGTGTGGCCGTCGAA Inverso (SEQ ID NO: 77)	
Pectato liasa	22	ACATGCAGTTCAAGTACGCCGCT Delantero (SEQ ID NO: 78)	875
		GCAGGGGCCCCACACTCTTG Inverso (SEQ ID NO: 79)	
Pectato liasa	25	TCCAAGGCAGAGCCTCCGAAACA Delantero (SEQ ID NO: 80)	2382
		GCTCCCTGCGGGCGTGTTTTA Inverso (SEQ ID NO: 81)	
Pectato liasa C	28	ACAGACCCCATCACATCCGCCA Delantero (SEQ ID NO: 82)	1790
		TTGCATTGAGCCCTCTTGGGCTGT Inverso (SEQ ID NO: 83)	
Pectato liasa C	31	CTGTCTCCAGCAGCAGCCTC Delantero (SEQ ID NO: 84)	1133
		CGAGCAACCCGTCGAGGTCAA Inverso (SEQ ID NO: 85)	
Pectato liasa C	34	CATGAAGGCCACCACCCTCGC Delantero (SEQ ID NO: 86)	1080
		CCGAACCCCTGGCTCGGGCAT Inverso (SEQ ID NO: 87)	
Pectato liasa C	37	ACCCCCACGCCGAACAATACC Delantero (SEQ ID NO: 88)	1534
		CCGCCAAGTCTATCCGCTCGC Inverso (SEQ ID NO: 89)	
Pectato liasa C	40	GGCTTCGGTGGACCGTCTAT Delantero (SEQ ID NO: 90)	1642
		CCACCCGCTCCGCCCTTAA Inverso (SEQ ID NO: 91)	
Pectato liasa C	43	AGGAGATGGGCTGCCGTCCT Delantero (SEQ ID NO: 92)	1051
		GCTCAGCAAGCGTCCAACCCA Inverso (SEQ ID NO: 93)	
Pectines-terasa	46	TCCCGTGCCATGGTAGCCTTT Delantero (SEQ ID NO: 94)	1352
		GCTGGCCACCACAATCCACA Inverso (SEQ ID NO: 95)	
Pectines-terasa	49	TGGCTCTTGATCAGGCTCGT Delantero (SEQ ID NO: 96)	830
		GCGGTGACCCATCCCTGCTT Inverso (SEQ ID NO: 97)	
Pectines-terasa	52	TCGTCCACCGGTACCACGTT Delantero (SEQ ID NO: 98)	7503
		TGCTACGCAAGTGTGCAAAGTGT Inverso (SEQ ID NO: 99)	
Pectines-terasa	55	ATCACAGCATGCCTCGCCTCG Delantero (SEQ ID NO: 100)	1063
		CAGTCTGCCGGTTCCTTGAT Inverso (SEQ ID NO: 101)	
Ramnoga-lacturoni-dasa	58	CGGAGGATTGCTGCGGGACTT Delantero (SEQ ID NO: 102)	1844
		CCGCGAAACCATCCACAACACG Inverso (SEQ ID NO: 103)	
Ramnoga-lacturoni-dasa	61	ACGGGCCAAGGTGCCAGAAC Delantero (SEQ ID NO: 104)	1901
		CACCCTTCTCCTGACCCTCGCT Inverso (SEQ ID NO: 105)	

Ejemplo 3 Amplificación, clonación y secuenciación de pectato liasa, Pectato liasa C, pectinesterasa y ramnoglacturonasa de *M. phaseolina* ms6

- 5 Se aisló ARN total a partir de micelio de tres días cultivado en medio líquido como se describió previamente por Chomczynski P y Sacchi N, método de aislamiento de ARN en un solo paso mediante extracción con ácido guanidinio tiocianato-fenol-cloroformo (Anal Biochem 1987, 162: 156-159). La calidad o la integridad del ARN se verificó mediante electroforesis en gel de agarosa y se cuantificó utilizando Thermo Scientific Nano Drop 2000 según procedimientos estándar. La primera cadena de ADNc se sintetizó utilizando la transcriptasa inversa SuperScript III (Invitrogen) siguiendo las instrucciones del fabricante. El gen se amplificó a partir del ADNc mediante PCR utilizando los cebadores específicos del gen. La reacción de PCR (50 ml) contenía 1 µl de ADNc, 20 pmoles de cada cebador, 5 µl de tampón de PCR 10X, 5 µl de mezcla de dNTP 2.5 mM y 1.0 unidad de ADN polimerasa PfuTaq. La PCR se llevó a cabo en Thermal Cycler (Applied Biosystems) utilizando las siguientes condiciones: desnaturalización inicial durante 5 minutos ("min") a 95°C seguido de 35 ciclos de desnaturalización a 95°C durante 30 segundos ("sec"), recocido a 59-61°C durante 30 segundos y una extensión a 72°C durante 1 a 2.0 min, dependiendo de la longitud del gen objetivo, con una extensión final a 72°C
- 10
- 15

5 durante 7 min. El producto de PCR se analizó mediante gel de agarosa al 1% utilizando tampón 1XTAE y el amplicón se eluyó del gel utilizando el kit de extracción de gel QIAGEN siguiendo las instrucciones del fabricante. El producto de PCR purificado se ligó en el kit de clonación pCR®8/GW/TOPO® TA (Invitrogen) y se transformó en células competentes de *E. coli* (Invitrogen). Los plásmidos se aislaron de colonias putativas utilizando el kit QIAprep Spin Miniprep (QIAGEN) siguiendo las instrucciones del fabricante. La presencia del inserto se verificó utilizando los cebadores específicos del gen y los plásmidos positivos se sometieron a Secuenciación.

Ejemplo 4 Análisis de la secuencia

10 La secuencia de nucleótidos y la secuencia de aminoácidos se analizaron mediante programas BLASTN y BLASTP, respectivamente. Las secuencias informadas de otras plantas se alinearon con ClustalW. El análisis filogenético se llevó a cabo utilizando Neighbor Joining (NJ).

15 SEQ ID NO: 1
 LONGITUD: 1047 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

```
GAAGAGTATATAGAGGTGGCCACGACTGCACTGTTGAACTCATCACCGACCCACAATCGCTTTCTTTCTGCCC
ACTCTCGTTCACAACACAGATCTCTGATCTACCACATTCGTTCTTACCGAGGATCAAAAATTCCTCCCATCTC
CACAATGCAGTACAAGTACACCGTCTTGCCGCCACTATGGCCGCCGTTGCCTTCGCCCAGCAGAACTTGATT
GGCATTCCTACCGGTACTAAAGCTAAGCCTTTCACCCAGCCCGAGACCATTACCTTCTTCGACGGTAAAATGA
TGGAATACGGCCGCGGCAAGCCCTGTGGCACCAGCATGACAAGGGTGACCTTGAGGGCGTCTTCATCATCAA
GCCCGGCGGCACGCTGCAGAAGCCATCATCGGCGCCGACTCCCTTGAGGGCGTGCACTGCGAGGGCGCCTGC
ACCATCAAGAACGTCTGGTTCAAGGACGTGTGCGAAGACGCCATCACCCCTCAAGGGCAACGGCCCGTACCTGA
TCACCGGTGGCGGTGCGCAGCACGCCAAGGACAAGGTCGTCCAGCACAACGGCAAGGGCACCGTGACCATCTC
CGATTACAAGATCGGCGCCGTCGGTAAGCTGTACCGCAGCTGTGGCAACTGCAGCAACAACGGCGGCCCCCGC
AACGTCGTCTCGACCGCATCTCTTCCCTTCGGCCCCGGCACCACGTCCGACCTTGTCGGCATCAACTCCAAC
ACAACGACGTGCCACCATCAGTGGCGTCTGCGGCCCTGTCAAGAACATGTGTCAGGAGTTCACCGGCATCGA
GAAGGACGGCAACAAGGAGAGCCCCACAGGGAGCCCCGATTGGTGCTTGCAAGGGCCCCCAGGGCCAGCTC
AAGACGGCTCCCGCTTGCTAAGCGCCTCACGGAATTATCATGGGTGTGCAGTTACGGGAAAGGAAATCGATAT
CGACCTCCCTATTGGTAACATCAATCTGGCTCCAAATTGCATCATCCGCCACTGGTTCGGCCATGACAGGACAG
AGCGAAGTCAAAGTTTCGGTGTAC
```

20 SEQ ID NO: 2
 LONGITUD: 747
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*
 25 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
 UBICACIÓN: (1) (747)

ES 2 674 922 T3

atgcagtacaagtacaccgctccttgccgcccactatggccgcccgttgcccttcgcccagcag
M Q Y K Y T V L A A T M A A V A F A Q Q
aacttgattggcattcctaccggtactaaagctaagcctttcaccagcccagaccatt
N L I G I P T G T K A K P F T Q P E T I
accttcttcgacggtaaaatgatggaatacggccgcggaagccctgtggcaccgacgat
T F F D G K M M E Y G R G K P C G T D D
gacaaggggtgaccttgaggccgtcttcatcatcaagcccggcggcacgctgcagaacgcc
D K G D L E A V F I I K P G G T L Q N A
atcatcggcgcgactcccttgagggcgtgactgagggcgccctgcaccatcaagaac
I I G A D S L E G V H C E G A C T I K N
gtctggttcaaggacgtgtgcaagacgccatcacctcaagggcaacggcccgtacctg
V W F K D V C E D A I T L K G N G P Y L
atcaccggtggcgggtgagcagcagccaaggacaaggtcgtccagcacaacggcaagggc
I T G G G A Q H A K D K V V Q H N G K G
accgtgaccatctccgattacaagatcggcgcggtcggtaagctgtaccgcagctgtggc
T V T I S D Y K I G A V G K L Y R S C G
aactgcagcaacaacggcggcccccgcaacgtcgtcctcgaccgcacatctcttcttcggc
N C S N N G G P R N V V L D R I S S F G
cccggcaccacgtccgaccttgctcggcatcaactccaactacaacgacgctcgccaccatc

P G T T S D L V G I N S N Y N D V A T I
agtggcgtctgcccctgtcaagaacatgtgtcaggagttcaccggcatcgagaaggac
S G V C G P V K N M C Q E F T G I E K D
ggcaacaaggagagccccacagggagccccgattgggtgcttgcaagggccccagggc
G N K E S P H R E P P I G A C K G P Q G
cagctcaagacggctcccgttgctaa
Q L K T A P A C -

5 SEQ ID NO: 3
LONGITUD: 248
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MQYKYTVLAATMAAVAFQAQNLIGIPTGTKAKPFTQPETITFFDGMMEYGRGKPCGTDDDKGDLEAVFIKPGGTLQNAIIGADSLEGVHCEGACTIKNVWFKDVCEDAITLKGNGPYLITGGGAQHAKDKVVQHNGKGTVTISDYKIGAVGKLYRSCGNCSNNGGPRNVVLDRISSFGPGTSDLVGINSNYNDVATIISGVCGPVKNMCEFTGIEKDGNKESPHREPPIGACKGPQGQLKTAPAC*

10 SEQ ID NO: 4
LONGITUD: 1167 (que incluye 150 bp 5' UTR and 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

CTACCACGAATCGGAATTAAACGACGAATCTCCTGGTGAAGACTATAAAAGGCAGACAACGGCGTCGACAGTA
AAGACCATCGCAATCCAACAGTCCAGTTCCTCCTCAAGTCTCTCACTCCCATCCTCCACTTTCCAATCACTTC
CAACATGAAGTTCATCTACGCCGCTATCACCGCCACCGTGGCTGGCCTTGCCTCTGCGCAGTCCCTGACCATC
CCCACCCGCTCCGGCAGCAAGGTTCGTCTCCTCCGCGCCAGTACCATCTCCGGCTCGCAAGACTTTGGTAACA
AGGAGTTCGACCGCGGAATCCCCTGCGACTCGGACGATGACACTGGCAGCTCCAGCGCCGTCTTCATCCTCAA
GAACGGCGCCAGCATCTCCAACGTCATCATTGGTACCGACGCGCTCGAGGGCGTCCACTGCGAGGGTGCCTGC
ACCCTGACCAACGTCTGGTTCGGTTCGACGTCTGCGAGGGTGTAGCTAAATCCACAACATAACCATCAAACACTCAA
GTAGTGCACACGAATGCTAATGGGAAAATCCAGACGCCATCTCCGCGCTCGGCACCGGCAATGTCTCATCCA
GGGCGGCGGTGCGCAGAACGCCAAGGACAAGGTTCGTCCAGCACAACGGCCGCGGCACCGTACCATCAAGAAC
TACACCGTTCGTCACCGCCGGCAAGCTGTACCGCAGCTGCGGCGACTGCACCAACAACGGCGGCCCCCGCAACG
TCGTTCGTGGACAACGTCCGCGTCAACGGCATGACCTCTGACCTCGTTCGGCATCAACTCCAACACTACGGTGCAG
TAAGTCGGCAAAAGATACTTCAAATCGTTGGAGGAACACTCAATACTGACTGTTCGATTCCAGCTGCTACCATC
AGCAACTCTTTCGGCGTCTCCAAGAAGGTCTGCCAGGAGTACAAGGGCGTCACCAAGGGCAACGGCGACAGCG
AGAAGGTCTCCACCACTGCCAAGGTGCTCAGGGTACTCTGTCTAAGCTTCCACTTGCTAGACAAC
CTAAAAGCAAACCAACTAGAGCTTGGGCACGGATCACTCGCGTTGGATGTGGTCCGTGGAATCCTTGGTCA
GTGCTCAATCGCCTGCTTCGAGTGGGAAACGGCCGTCTCAATTGATACCGGGCGAGTGTCTGCGCATGGATG

SEQ ID NO: 5
LONGITUD: 735
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (735)

5

atgaagtccatctacgccgctatcaccgccaccgtggctggccttgccctctgcccagtc
M K F I Y A A I T A T V A G L A S A Q S
ctgaccatccccaccgctccggcagcaaggctcgtcctctccgcccagtcaccatctcc
L T I P T R S G S K V V L S A P S T I S
ggctcgcaagactttggtaacaaggagtccgaccgccaatcccctgcccagtcggacgat
G S Q D F G N K E F D R G I P C D S D D
gacactggcagctccagcgccgtcttccatcctcaagaacggcgccagcatctccaacgtc

10

ES 2 674 922 T3

D T G S S S A V F I L K N G A S I S N V
atcattggtaccgacgcgctcgagggcgctccactgcgaggggtgcctgcaccctgaccaac
I I G T D A L E G V H C E G A C T L T N
gtctgggttccgtgacgtctgcgaggacgccatctccgcgctcggcaccggcaatgtcctc
V W F R D V C E D A I S A L G T G N V L
atccagggcgggcggtgcgcagaacgcccaaggacaaggctcgtccagcacaacggcccgggc
I Q G G G A Q N A K D K V V Q H N G R G
accgtcaccatcaagaactacaccgctcgtcaacgcccggcaagctgtaccgcagctgcggc
T V T I K N Y T V V N A G K L Y R S C G
gactgcaccaacaacggcgggcccccgcaacgctcgtcgtggacaacgctccgcgctcaacggc
D C T N N G G P R N V V V D N V R V N G
atgacctctgacctcgtcggcatcaactccaactacgggtgacactgctaccatcagcaac
M T S D L V G I N S N Y G D T A T I S N
tcttgcgggcgtctccaagaaggctctgccaggagtacaagggcgctaccaagggcaacggc
S C G V S K K V C Q E Y K G V T K G N G
gacagcgagaaggctctccaccactgcccaactgcaaggggtgctcaggggtactctgtctaag
D S E K V S T T A N C K G A Q G T L S K
cttcccacttgctag
L P T C -

SEQ ID NO: 6
LONGITUD: 244
TIPO: PRT
5 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MKFIYAAITATVAGLASAQSLTIIPTRSGSKVVL SAPSTISGSQDFGNKEFDRGIPCDSDDDTGSSSAVFILKN
GASISNVIIGTDALEGVHCEGACTLTNVWFRDVCEDAISALGTGNVLIQGGGAQNAKDKVVQHNGRGTVTIKN
YTVVNAGKLYRSCGDCTNNGGPRNVVVDNVRVNGMTSDLVGINSNYGDTATISNSCGVSKKVCQEYKGVTKGN
GDSEKVSTTANCKGAQGTLSKLPTC*

10 SEQ ID NO: 7
LONGITUD: 1110 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

CAGCGGTATATAAATGCCCTGGTACCCTGCCCCAAAATGCCTTCTTCACCACCACAGTCCTTCGTTTCAATCG
TTCAGCACATTCACTCTTTCATTCACTCACTAACCAGATCTGCGATCGTGTCTTTGCCTTCCACTACCAGA
CACAATGTTCTCCAAGCTTTTTCCTGCTTCCCCTCCTGGCGGCTTCCGCCCTGGCTGCTCCTGCCGACGACT
TTCGGCTACGAGCTCGTTCGCCGCGGAACCTCCCATTCCTGCCTCCAAGGGCAACGTCAAGCTCAGCGCTG
CCAAGTCCGTGTCCGGCACCTTCGATGGTGGCATGAAGACCTACGGCCGTGGTGTCAAGTGCACCGGTCAGGC
CGAGGGTGGTGACAAGGACGCCGTCTTCATCCTCGAGAACGGTGCTACCCTCAAGAACGCCATCATTGGTACC
GACCAGATCGAGGGCGTCCACTGCAAGGGGCTCCTGCACCATCGAAAACGTCTGGTGGGCCGGTGTCTGCGAGG
ACGCGCTCTCCCTGAAGGGTGACGGTTCGCCAAGGTCATCGGCGGCGGCGCTACTGGCGCTGAAGACAAGGT
ACGTACGCCTCTGATACGCCTTCGCTCAGATTGCTGACCAGATCTGGTACAGGTCATCCAGCACAACGGCGTT
GGCTCCGTCTCGATTGATGGCTTCACTGTTGCCGACTTCGGCAAGCTCTACCGCTCGTGCGGAAACTGCAAGA
AGATGGGCAAGAGAACCGTCACCATCAAGAACGTGAAGGCTAGCAACGGAAAGCTTTTGGCTGGCATCAACTC
CAACTACGGCGACACTGCTACCATCACCGGCACCTGCGCTACCTCCGTCAAGAAGGTCTGCACCGAGTTCAAG
GGCAACAACAGCGGCAAGGAGCCCACCGAGATCAGCTCCGGCCCCAGCAACGCCTGCAAGTACTCCTCCCTCA
AGGCTTGCTAGGGCCTGCTAGACGGTTGCTCAACAAACAACATGGCATTGCGCGGTGAGCCCCGGGACCTTT
CCGGGCTCGGGAGAAGAAAGTGGATGGCATTCTATTCTTGTATCGACTTCTAGTACTAGAGCATCTTCTATAC
CTCTAATTTACTGTG

SEQ ID NO: 8
LONGITUD: 756
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (756)

5

ES 2 674 922 T3

atgttctccaagcttttctgcttcccctcctggcggttccgcccctggctgctcctgcc
M F S K L F L L P L L A A S A L A A P A
gacgacactttcggctacgagctcgttcgcccgcggaacttccccattcctgcctccaag
D D T F G Y E L V R R A N F P I P A S K
ggcaacgtcaagctcagcgtgcccaagtccgtgtccggcaccttcgatgggtggcatgaag
G N V K L S A A K S V S G T F D G G M K
acctacggccgtgggtgtcaagtgcaccgggtcaggccgaggggtggtgacaaggacgccgtc
T Y G R G V K C T G Q A E G G D K D A V
ttcatcctcgagaacgggtgctaccctcaagaacgccatcattgggtaccgaccagatcgag
F I L E N G A T L K N A I I G T D Q I E
ggcgtccactgcaagggctcctgcaccatcgaaaacgtctgggtgggcccgggtgtctgcgag
G V H C K G S C T I E N V W W A G V C E
gacgcgctctccctgaaggggtgacggttccgccaaggtcatcggcggcggcgtactggc
D A L S L K G D G S A K V I G G G A T G
gctgaagacaaggtcatccagcacaacggcgttggctccgctctcgattgatggcttact
A E D K V I Q H N G V G S V S I D G F T
gttgcgacttcggcaagctctaccgctcgtgcggaaactgcaagaagatgggcaagaga
V A D F G K L Y R S C G N C K K M G K R
accgtcaccatcaagaacgtgaaggctagcaacggaaagcttttggctggcatcaactcc
T V T I K N V K A S N G K L L A G I N S
aactacggcgacactgctaccatcaccggcacctgcgctacctccgtcaagaaggtctgc
N Y G D T A T I T G T C A T S V K K V C
accgagttcaagggcaacaacagcggcaaggagcccaccgagatcagctccggccccagc
T E F K G N N S G K E P T E I S S G P S
aacgcctgcaagtactcctccctcaaggcctgctag
N A C K Y S S L K A C -

5 SEQ ID NO: 9
LONGITUD: 251
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MFSKLFLLPLLAASALAAPADDTFGYELVRRANFPI PASKGNVKLSAAKSVSGTFDGGMKTYGRGVKCTGQAE
GGDKDAVFILENGATLKNAIIGTDQIEGVHCKGSCTIENVWWAGVCE DALSLKGDGSAKVI GGGATGAEDKVI
QHNGVGSV SIDGFTVA DFGKLYRSCGNCKKMGKRTVTIKNVKASNGKLLAGINSNYGDTATITGTCATSVKKV
CTEFKGNNSGKEPTEISSGPSNACKYSSLKAC*

10 SEQ ID NO: 10
LONGITUD: 1127 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

CCGCTCCTCTGTGCGTTGTTGAACCTTGCTGTTTGTAGGTATAAAGCCCCCGTCATTGCTGAGGACGTGTA
TGGACAGGATCCCTCAAACAGATTGTCTTCTACATCTCAGCGCATTAAAGAACCCCATAAATACCAAGAGTTAC
AAACATGCGTTCTACAAATCTGCTCGTCCTCCTCGCAACCTCCCTCAGCCTGGTTCGCAGCGAGCCCGTTGGAT
GCGCCGACCAAAGTGATGGGCAAGCGGTTCCGCCACCAATGTTCTACCCGCATCATCTGGACATGTTGTCTCC
CCTCAGCAACCACTGTGAGCACTTTTGACGGCGGAATGAAGAAGTACGACCGTGGTACCTCTTGCACTGGTCA
GTCCGAAGGGGGGGATGCGGACGCTGTCTTCCCTCGTTCAGTCCGGAGGCACCCTCAAGAATGTCATCATTTGGT

GCGGACCAATCTGAAGGTGTCCACTGTCTCGGCCCGTGCACGATCCAGAACGTGTGGTGGGAGGCCGTCTGCG
AGGGTGAGAGCCAGACGCTTCGCGTTGTAAAGGGGGCGAAATGCTGACCTCAAGACCCAGACGCCTTGACCATC
AAACAACTTCTGGGACCTCCTACGTCGTTGGCGGGCGGTGCTTTTGGCGCGTCAGACAAAATTATCCAGCACA
ACGGAGGCGGTACCGTCTCGATCAAGGACTTCTACGCCCAAGATTTTCGGCAAAGTTTACCGCAGCTGCGGCAA
TTGCGGCACTCAGTACAAACGCACCGTCACCATGTCTGGGATTTGGGCCGTTAATGGTGATCTCCTTGCCGGC
GTTAACTCCAATTACGGTGATACCGCGACCATTTCCGGCACTTGTGCAGACAACGTGGACAACATCTGCGCCT
GGTACGAAGGAAACGATGATGGCGATGAGCCACCAAGTTGGGCACTGGCATCAGCTCTTACTGTGTCTATAC
CGCCAATGGTGTTCGATGACTGCCCTTGAGTTGAACATTGGCTTCTATTTGCCACGACACTATGATCGTGTTC
GGCTCTATCGCTGTTGTGTCCGGTTGGTGAGGGCACCCGTACATATGTGGAATGGAGGTCACGTGGTGGATAG
CATGTACATATTCTTGCCTGTTATGCCTACAC

SEQ ID NO: 11
LONGITUD: 771
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (771)

5

ES 2 674 922 T3

atgcggttctacaaatctgctcgtcctcctcgcaacctccctcagcctggtcgcagcgagc
M R S T N L L V L L A T S L S L V A A S
ccggttgatgcgccgaccaaagtgatgggcaagcggttcgccaccaatggttctacccgca
P L D A P T K V M G K R F A T N V L P A
tcattctggacatggttgctcctcccctcagcaaccactgtgagcacttttgacggcggaatg
S S G H V V L P S A T T V S T F D G G M
aagaagtacgaccgtggtacctcttgactggtcagtccgaagggggggatgcgggacgct
K K Y D R G T S C T G Q S E G G D A D A
gtcttcctcgttcagtcgggagggcaccctcaagaatgtcatcattgggtgcggaaccaatct
V F L V Q S G G T L K N V I I G A D Q S
gaaggtgtccactgtctcggcccgtgcacgatccagaacgtgtgggtgggaggccgtctgc
E G V H C L G P C T I Q N V W W E A V C
gaggacgccttgaccatcaaacaacttctgggacctcctacgtcgttggcgggcggtgct
E D A L T I K Q T S G T S Y V V G G G A
tttggcgcgtcagacaaaattatccagcacaacggaggcggtaccgtctcgatcaaggac
F G A S D K I I Q H N G G G T V S I K D
ttctacgcccaagatttcggcaaagtttaccgcagctgcgggcaattgcgggcactcagtac
F Y A Q D F G K V Y R S C G N C G T Q Y
aaacgcaccgctcaccatgtctgggatttgggcccgttaatgggtgatctccttgccggcggt
K R T V T M S G I W A V N G D L L A G V
aactccaattacggtgataccgcgaccatttccggcacttgtgcagacaacgtggacaac
N S N Y G D T A T I S G T C A D N V D N
atctgcgcctggtacgaaggaaacgatgatggcgatgagcccaccaagttggggcactggc
I C A W Y E G N D D G D E P T K L G T G
atcagctcttactgtgtctataccgccaatgggtgtcgatgactgcccttga
I S S Y C V Y T A N G V D D C P -

5 SEQ ID NO: 12
LONGITUD: 256
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MRSTNLLVLLATSLSLVAASPLDAPTKVMGKRFATNVLPASSGHVVLP SATTVSTFDGGMKKYDRGT SCTGQS
EGGDADAVFLVQSGGTLKNV IIGADQSEGVHCLGPCTIQNVWWEAVCEDALTIKQTSGTSYVVGGGAFGASDK
IIQHNGGGTVS I KDFYAQDFGKVYRSCGNCGTQYKRTVTMSGIWA VNGDLLAGVNSNYGDTATISGTCADNVD
NICAWYEGNDDGDEPTKLG TGISSYCVYTANGVDDCP*

10 SEQ ID NO: 13
LONGITUD: 1164 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

AGTGACATATAAGTCCTCTGTTCTGCCATCGGAAAATGCTTCTCATCACCAACATTCTCTTCCTTCTTTCTC
ACCACCCTTCCCCTCTTTCAAACAATTACCGGATAGATCTGTGATCATCCCCTACTTTTCGTTTAAACAACATA
CAAAATGCAGTCCAAGATCGTTCTCGGCCTTTCTCTCCTCGCCGCCACCGGCATGGCGGCTCCCTCCGAGCCC
CTCCGCGTCCGCGCCACCCTCCCCATCCCCTCCTCCAAGGGCTCTGTACCTACGATGAGGTCAAGTCCATCA
CCGGCACTTTTCGACGGTGGCATGAAGACCTACGGCCGTGGTGTTCCTGCACTGGCCAGAAGGAGGGTGGCAA
CAAGGACGCCGTCTCCAGCTTGAGGACGGTGTACCCTCAAGAACGTCATCATTTGGCGAGGACCAGATCGAG
GGTATCCACTGCATGGGCAGCTGCACCCTGGAGAACGTCTGGTGGAGCGCCGTCTGCGAGGGTTTGTCTTCTT
CCATCCACTGAAGCACTTCACAGCTAACGTCATCTCAGACGCTCTTACCTTCAAGGGTGACGGTGACGCCAAG
GTCATCGGCGGGTGGCCAGGGCGCCGACGACAAGGTCTCCAGCACAACGGTGTGCGCGATGTGACCATCG
ACGGCTTCACCGTTGTCGATTTTCGGCAAGCTGTATCGCTCTTTCGGCAGTAAGTTCACCGGCTTCTGCCCA
CCTCCATCCCTCATTACCTGCTCACACACGTGTTCCAGACTGCAAGCAGAACGGCGGCACCCGCAACGTCAA
CATCTCCAACGTCAAGGCCTACAACGGCAAGGTCTCACCGGCATCAACTCCAACACGGCGACGTGCGCCACC
TTCAAGGACACCTGCGCCTCTTCCGTCAAGGACATCTGCGTCGAGTACAAGGGTACCAACAACAACGACGAGG
AGCCCTCCAAGATCGGCTCCGGTCTTCCGACAACGCGTCTACTCCGACATCCCCTCTTGCTAGACGGCTCG
CCAACGGTTCGCTTGGGCTGGCTTTTCGCGGATGCCCATTTGTGAATAATCCGCTTGTCTTGTATGTAATTATT
TTAAAGGCAAGAAGACCATTTAAATCAATAAATAGAGACGGGGCTAGACCTCGCTTGTACTACGCACAC

SEQ ID NO: 14
LONGITUD: 750
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (750)

5

ES 2 674 922 T3

atgcagtccaagatcggttctcggcctttctctcctcgcgccaccggcatggcggtccc
M Q S K I V L G L S L L A A T G M A A P
tccgagcccctccgcggtccgcgccaccctccccatcccctcctccaagggtctgtcacc
S E P L R V R A T L P I P S S K G S V T
tacgatgaggtcaagtcacatcaccggcactttcgcggtggcatgaagacctacggccgt
Y D E V K S I T G T F D G G M K T Y G R
gggttttctgcactggccagaaggagggtggcaacaaggacgccgtcttccagcttgag
G V S C T G Q K E G G N K D A V F Q L E
gacgggtgctaccctcaagaacgtcatcattggcgaggaccagatcgagggtatccactgc
D G A T L K N V I I G E D Q I E G I H C
atgggcagctgcaccctggagaacgtctgggtggagcgccgtctgcgaggacgctcttacc
M G S C T L E N V W W S A V C E D A L T
ttcaagggtgacgggtgacgccaagggtcatcggcggcggtgccagggcgccgacgacaag
F K G D G D A K V I G G G A Q G A D D K
gtcctccagcacaacgggtgtcggcgatgtgaccatcgacggcttcaccggttgatgatttc

V L Q H N G V G D V T I D G F T V V D F
ggcaagctgtatcgctcttgcggaactgcaagcagaacggcgccaccgcaacgtcaac
G K L Y R S C G N C K Q N G G T R N V N
atctccaacgtcaaggcctacaacggcaaggctcctcaccggcatcaactccaactacggc
I S N V K A Y N G K V L T G I N S N Y G
gacgtcgccaccttcaaggacacctgcgctcttccgtcaaggacatctgcgtcgagtac
D V A T F K D T C A S S V K D I C V E Y
aagggtaccaacaacaacgacgaggagccctccaagatcgggtccggctccttccgacaac
K G T N N N D E E P S K I G S G P S D N
tgcttactccgacatcccctcttgctag
C V Y S D I P S C -

5 SEQ ID NO: 15
LONGITUD: 249
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MQSKIVLGLSLLAATGMAAPSEPLRVRATLPIPPSSKGSVITYDEVKSITGTFDGGMKTYGRGVSCTGQKEGGNK
DAVFQLEDGATLKNV IIGEDQIEGIHCMGSCLENVWWSAVCEDALTFKGDGDAKVI GGGAQGADDKVLQHNG
VGDV TIDGFTVVDFGKLYRSCGNCKQNGGTRNVNINSVKAYNGKVL TGINSNYGDVATFKDTCASSVKDICVE
YKGTNNNDEEPSKIGSGPSDNCVYSDIPSC*

10 SEQ ID NO: 16
LONGITUD: 1238 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

CTATAAAGATGGAGACCAGCCAGCTTCTAGAGGCTTTTCCCTCCAGGCAAGCATCCTCTCTCCGGCCATCACT
TTCATTCTTTTCGCATTCTTCCACTCTTTTGTCCAACCTCCGACCCGAACAGATCTGTGATCGTTCACTACACTA
CACAATGTTGACCAAGACTCTTCTTCCCCTCCTCGCCATCTCTGGCGCCGTCTCTGCCGTCAAGACCAAGACC
TTCGGCAAGAACCTCGTCCGCCGTGCGGACTTCCCTATCCCTGAATCCCAGGGTTCCGTACCTTTGACGCCG
CCGAGGAGGTTCGATGGCGAGTACGACGGTGGCTACAAGACGTACGGCCGTGGTGTCTTGTGACTGGCCAGGA
GGAGGGTGGCGACTCTGACGCCGTCTTCATCCTGAAGGACGGTGCTTCCCTCAAGAACGCCATCATCGGCTCT
GACCAGATTGAGGGTGTCCACTGCGAGGGGCTCCTGCACTCTTGAGAACGTTTGGTGGGAGGCCGTCTGCGAGG
ACGCTCTGTCTTCAAGGGTACGGTGTATGCCACCGTCACTGGCGGTGGTGCAACTGGTGTGAGGACAAAGT
CCTCCAGCAAACGGTATTGGCTCCATCACCCTCGATGGCTTACCCTTGTGGACTTCGGCAAGCTGTACCGC
TCTTTCGGTAACCTGCGACGAGATGGGCCAGCGCACTGTACGTCAATGCTATCGCTCATTCTGTAGGGCAGAGA
GTGCTGACATGGCTGTGCGACTTAGATCACCTCAAGAACGTCAAGGCCTACTCCGGCAAGAAGCTTGTCGGC
ATCAACTCCAACCTACGGTACAGTTCGTCATGTTCCCTTTAGGCTTTCAACCCTTGAGCCATGTGCTAATAGCA
TCCTCAGCTGCCACCATCACCGACACTTGCAGCGACCGACGTCTCTGACATTTGCACGGAGTACGTAGTCACTC
GGACGATGGGCCTCAGGAACGAAGACACTAACATAATTATCTTTACAGGTACGAAGGAAACGATAACCGGAGAC
GAACCTGAAGAGATCAGCTCCGGCCCCCTCTGATGCCTGCATTTACAGCGACGTTCCGGAGTGCTAGACGCACA
GCTCGAACATGCCGCTCAAAGCAAGCATTCTGATGGAGGGCCAGGGGGTGGGAAGGGATTTAGAGCCTCCGA
AAAGGTGGAAGTGGGTTTAGGACTTCGTTGTATAATATAAACTTGTTCGAAAATAAGAACCATCCTGC

SEQ ID NO: 17
LONGITUD: 756
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (756)

atgttgaccaagactcttcttccccctcctcgccatctctggcgcccgtctctgcccgtcaag
M L T K T L L P L L A I S G A V S A V K

ES 2 674 922 T3

accagaccttcggcaagaacctcgctccgcccgtgocggacttcctatccctgaatcccag
T K T F G K N L V R R A D F P I P E S Q
ggttccgtcacctttgacgccgcccaggagggtcgatggcgagtagcagcgggtggctacaag
G S V T F D A A E E V D G E Y D G G Y K
acgtacggccgtggtggtttcttgactggccaggaggagggtggcgactctgacgccgtc
T Y G R G V S C T G Q E E G G D S D A V
ttcatcctgaaggacgggtgcttccctcaagaacgccatcatcggctctgaccagattgag
F I L K D G A S L K N A I I G S D Q I E
gggtgccactgocgagggctcctgcactcttgagaacggttggtgggaggccgtctgocgag
G V H C E G S C T L E N V W W E A V C E
gacgtctgtccttcaagggtagcggtagtccaccgtcactggcggtggtgcaactggt
D A L S F K G D G D A T V T G G G A T G
gctgaggacaaagtcctccagcaaaacggtattggctccatcacctcgatggcttcacc
A E D K V L Q Q N G I G S I T V D G F T
ggtgtggacttcggcaagctgtaccgctcttgocggttaactgocgacgagatgggcccagcgc
V V D F G K L Y R S C G N C D E M G Q R
actatcacctcaagaacgtcaaggcctactccggcaagaagcttgocggcatcaactcc
T I T L K N V K A Y S G K K L V G I N S
aactacggtagactgcccaccatcacctgacacttgocgocgaccgacgtctctgacatttgc
N Y G D T A T I T D T C A T D V S D I C
acggagtagcgaaggaaacgataccggagacgaacctgaagagatcagctccggcccctct
T E Y E G N D T G D E P E E I S S G P S
gatgcctgcatttacagcagcgttccggagtgctag
D A C I Y S D V P E C -

5 SEQ ID NO: 18
LONGITUD: 251
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MLTKTLLPLLAISGAVSAVKTKTFGKNLVRRADFPPIPESQGSVTFDAEEVDGEYDGGYKTYGRGVSTGQEE
GGDSDAVFILKDGASLKNAIIGSDQIEGVHCEGSCTLENVWWEAVCEDALSFKGDGDATVTGGGATGAEDKVL
QQNGIGSITVDGFTVDFGKLYRSCGNCDEMGQRTITLKNVKAYS GK KLVGINSNYGDTATITDTCATDVSDI
CTEYEGNDTGDEPEEISSGSPSDACIYSDVPEC*

10 SEQ ID NO: 19
LONGITUD: 1245 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

GGTTCACCTCATCAACTCGCTTCTTCATTCGTTCCCTTGCTGTGCAAGACACCATCCAGACGGACATTCCATTA
CAACGGTCTTTGATAGCCAATCCAACTTTGTCTACTCCCTGCCTCTCCATCCTACCCTACCAATAAGCCCATC
CAAAATGCAGTACAGCATCCGCTCGCTCGCCTTCGGCCTCGCCGCCCTGGCCGTCTCCACCGACGCTTTCATG
GTTCCCCGTGACCCTAGCAAGGGCTGGGGCTTCCCCAACGCCAACAAACGCTCGCGTTGCTGCTGCCGCCGCT
CCACTCCTGTCCAGACCCCCGGCAACACCCCTACCACTCCCGTGGCCACCCCTGGTGTCACTGGCGGCGCCAC
TGCCGCCGCTGGCTTCCCCGCCTCGTCCGGCACCAGCCAGCTCAGCGCCCCATGACCGTCACCGGCAGCTTC
GACGGTGGCATGAAGGCCTTCGGCCGCGGTGTCTCCTGCACCTGGCCAGGCTGAGGGTGGCGACAGCGACGCTG
TCTTCATGATCGAGGAGGGCGGTACTCTCTCCAACGTCATCATCGCCGCCGATCAGATCGAGGGTGTCCACTG
CTTCGGTTCCTGCACTCTCAAGAACGCTCTGGTGGGTGCGCGTCTGCGAGGACGCTTTCACCATCAAGGAGCAG
GGCGCCTCTGGCACTACCCACATCATCGGCGGTGGTGTCTCAGGGCGCCGAAGACAAGGTTCTCCAGCACAACG
GCGGCGGCACTCTCGCTGTCTCTGGCTTCCTCGCCAAGGACTTCGGTAAGCTCTACCGCAGCTGCGGCAACTG
CGACGAGATGCCCCGAGCGCCACGTTACCATCGACGGCGTTACCGCTGAGTCTGGTGACATCCTGGTCCGCATC
AACTCCAACATGGGCGACAGTAAGTAACCTCCTGATTTTGAAGCGATGAGGCAATGCTAACAATGCGCAGCTG

CTACCATCACCAACACCTGCGCCACCGGCGTCGAGACCATCTGCCAGGAGTTCAACGGTGTACGGACGGCAG
CGAGCCCGAGGCTGCCGGCAGCGGCCCTAGCACTGCTTGCAAGTACACTGCCGCTGACGCCAGGCCTGCTAA
GCACATCCCTTTCTTGATTGACCAGTAAAAGTTCGACGGCCACACGGTTGGGTAATGCAGGGATTGGCAAAAT
GTCCGTCCGGCATAATTAGCACTTCTTTGATGTAGATATTGGGCCGGGTGTCCACAATGTATAACTCTGACAT
GTCA

SEQ ID NO: 20
LONGITUD: 894
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (894)

5

atgcagtacagcatccgctcgcctcgccttcggcctcgcgccctggccgctctccaccgac
 M Q Y S I R S L A F G L A A L A V S T D
 gctttcatgggttccccgtgaccctagcaagggtggtgggttccccaacgccaacaacgct
 A F M V P R D P S K G W G F P N A N N A
 cgcggttgcgctgcccgcgcctccactcctgtccagacccccggcaacaccctaccact
 R V A A A A A S T P V Q T P G N T P T T
 cccgtggccaccctggtgtcactggcggcgccactgccgcccgtggcttccccgcctcg
 P V A T P G V T G G A T A A A G F P A S
 tccggcaccagccagctcagcgcccccatgaccgtcaccggcagcttcgacggtggcatg
 S G T S Q L S A P M T V T G S F D G G M
 aaggccttcggccgcggtgtctcctgcactggccagggtgaggggtggcgacagcgcgct
 K A F G R G V S C T G Q A E G G D S D A
 gtcttcatgatcgaggaggcggtactctctccaacgtcatcatcgcgccgatcagatc
 V F M I E E G G T L S N V I I A A D Q I
 gaggggtgtccactgcttcggttccctgcactctcaagaacgtctggtgggtcgcgctctgc
 E G V H C F G S C T L K N V W W V A V C
 gaggacgctttcaccatcaaggagcagggcgcctctggcactaccacatcatcggcggt
 E D A F T I K E Q G A S G T T H I I G G
 ggtgctcagggcgcggaagacaagggttctccagcacaacggcggcggcactctcgcctgtc
 G A Q G A E D K V L Q H N G G G T L A V
 tctggcttccctcgcgaaggacttcggtaagctctaccgcagctgcgggcaactgcgacgag
 S G F L A K D F G K L Y R S C G N C D E
 atgcccgagcgcaccggttaccatcgacggcggttaccgctgagctctggtgacatcctggtc
 M P E R H V T I D G V T A E S G D I L V
 ggcacatcaactccaacatggggcgacactgctaccatcaccaacacctgcccaccggcgtc
 G I N S N M G D T A T I T N T C A T G V
 gagaccatctgccaggagttcaacggtgtcacggacggcagcgcgagcccgaggctgccggc
 E T I C Q E F N G V T D G S E P E A A G
 agcggccctagcactgcttgcaagtaactgccgctgacgcccaggcctgctaa
 S G P S T A C K Y T A A D A Q A C -

SEQ ID NO: 21
 LONGITUD: 297
 TIPO: PRT
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

ES 2 674 922 T3

MQYSIRSLAFGLAALAVSTDAFMVPRDPSKGWGFPNANNARVAAAAASTPVQTPGNTPTTPVATPGVTGGATA
AAGFPASSGTSQLSAPMTVTGSFDGGMKAFGRGVSTGQAEGGDSDAVFMIEEGGTLSNVI IAADQIEGVHCF
GSCTLKNVWVAVCEDAFTI KEQGASGTTTHI IGGGAQGAEDKVLQHNGGGTLAVSGFLAKDFGKLYRSCGNCD

EMPERHVTIDGVTAESGDILVGINSNMGDTATITNTCATGVETICQEFNGVTDGSEPEAAGSGPSTACKYTAA
DAQAC*

SEQ ID NO: 22
LONGITUD: 1047 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

GAATGGTATAAAGAGCGGTGGGATATCCATCATTGAGCTCATCACCAACCCACAATTACTTTTCGTTCTACT
CCTCTCGTTTACACAACGGATCACTGATCTACCACATTCGCTCTTACCAAAGATCCTGTCTACCAACCATCTA
CAACATGCAGTTCAAGTACGCCGCTCTCGCTGCCGCCCTGGCCGCCGTCGGCTCCACGCAGAGCCTCCCCATC
CCCGCTCCCGCGGAGTTGATCCCAACAAGGGCCAAAGGATCGTCAAGCCCGGCAATCCTTTTCGACGGCGGGA
TGAAGGAGTTTGGCCGTGGTGTCTGCAACGACAAGGCCGACACTGGCGTCAGGAACGCCGTCTTCGTCAT
CGAGGACGGCGGTGTTCTGCGCAACGCCATCATCGCGCCGACGCCGTCGAGGGCATCCACTGCGAGGGCAAG
TGCACCATCGAGAACGTCTGGTTCCGCGACGTGTGCGAGGACGCCATCACGCTGAAGGGCAACGGCCCTTACA
CCATCACTGGCGGGCGGCCAGAACGCCGGCGACAAGGTCATCCAGCACAACGGCAAGGGCGAGCTGCGCAT
CTCAAAC TACCAGGTCAACAACGTGCGCAAGCTGTTCCGCACCTGCGGCAACTGCAGCAACAACGGCGGCCCG
CGCAGCATCGTCGCCACCGGCATCAGGGCCTTCGGCGTCACCAGCGACCTCATCGGCATCAACTCCAAC TACG
GCGACAAGGCCTCCATCACCGGCTCCTGCGGCAACACCAAGACGGTCTGCCAGGAATATGTCGGCATCGAGAA
GGGCGCCAACGGCGGGAAGGACAGCGAGAAGAGGGTCCC GCCGGTTCGGCGCTTGCACCGGCCAGGGCGGTCTC
GCCAGGCTCCCTTCCCTGCTAGACGCCCTCGCGGAATCTTGCCTGAGTATGGGATGGGAGGAATGGATTGACCG
CCTCAGTTTGGGATCCGTGCGAACAGTCGGGAACTTCGCAACTGCCTCATCCGTCAAGAGGTGTGGGCCCTG
CCGGACAGGATGAAACGCGTTTATG

10 SEQ ID NO: 23
LONGITUD: 747
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
15 UBICACIÓN: (1) (747)

atgcagttcaagtacgccgctctcgcgtgccgccctggccgccgctcggctccacgcagagc
M Q F K Y A A L A A A L A A V G S T Q S
ctccccatccccgcctccccgcggagttgatcccaacaagggccaaaggatcgtcaagccc
L P I P A S R G V D P N K G Q R I V K P
ggcaatcctttcgacggcgggatgaaggagtttggccgtggtgtcgtctgcaacgacaag
G N P F D G G M K E F G R G V V C N D K
gccgacactggcgtcaggaacgccgtcttcgctcatcgaggacggcgggtgttctgcgcaac
A D T G V R N A V F V I E D G G V L R N
gccatcatcggcgccgacgccgtcgagggcatccactgcgagggcaagtgcaccatcgag
A I I G A D A V E G I H C E G K C T I E
aacgtctggttccgcgacgtgtgcgaggacgccatcacgctgaagggaacggcccttac
N V W F R D V C E D A I T L K G N G P Y
accatcactggcggcggcgcccagaacgccggcgacaaggatccagcacaacggcaag
T I T G G G A Q N A G D K V I Q H N G K
ggcgagctgcgcatctcaaactaccaggtcaacaacgtcggcaagctgttccgcacctgc
G E L R I S N Y Q V N N V G K L F R T C
ggcaactgcagcaacaacggcggcccgcgagcatcgtcgccaccggcatcagggccttc
G N C S N N G G P R S I V A T G I R A F
ggcgtcaccagcgcacctcatcggcatcaactccaactacggcgacaaggcctccatcacc
G V T S D L I G I N S N Y G D K A S I T
ggctcctgcgggcaacaccaagacgggtctgccaggaatatgtcggcatcgagaagggcgcc
G S C G N T K T V C Q E Y V G I E K G A

aacggcgggaaggacagcgcgagaagaggggtcccgcgggtcggcgcttgcaccggccagggc
N G G K D S E K R V P P V G A C T G Q G
ggtctcgccaggctcccttctctgctag
G L A R L P S C -

5 SEQ ID NO: 24
LONGITUD: 248
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MQFKYAALAAALAAVVGSTQSLPIPASRGVDPNKGQRIVKPGNPFDDGGMKEFGRGVVVCNDKADTGVRNAV FVIE
DGGVLRNAIIGADAVEGIHCEGKCTIENVWFRDVCEDAITLKGNGPYTITGGGAQNAGDKVIQHNGK GELRIS
NYQVNNVVGKLFRTCGNCSNNGGPR SIVATGIRAFGVTSDLIGINSNYGDKASITGSCGNTKTVCQEYV GIEKG
ANGGKDSEKRVPPVGACTGQGGLARLPSC*

10 SEQ ID NO: 25
LONGITUD: 2495 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

GTTTGGTGC GTGGGAACGCATTTAACGGTGGATGAATCGATCCAAGGCTTCCAAGGCAGAGCCTCCGAAACAG
 TCAATATTCCATCCAAACCAACGCCTATTGGATTCAAGATTTGGGCACTTTGTAACGAGGCTTTTTTGGTTGA
 TTGGATGTTCCATTCAAATGGCGAAGGACCGTGGGATCTTGACGAGTATTACACCGACGAACAGTACGAAATT
 AACCTCACACAGACGGCTGCAGTGGTGGCCGATTTGGTGGCTCAGTTATGCCACATGAGCTGCCATTTGACA
 GCCCAAAATACATCGTTTGGATAGACAATCTGCTTACTTCTGCGCGGCTTATGACAACGCTCCGGAACGAGAA
 TATTGGCGCTGCAGGGACTGTTTGAATGGGCAAGACACAGCGTGAGAAGAATGAAGAGAAGGCAGCTAGCAAA
 AAGAAGCAAGCCACCAAAGAAGATAACCGTGGTTTACACCAAAGGCTTCGAGATTTGAGGTCAAAAAATGAAG
 GACAGATCGAATGGGGCACGCAGTATTGCTGTCTATCACAGGACGAGCAGTCAATGCAATTTGGCTGGCAGGA
 TGCAAGAATTGTGCTATTCATGAGCACTGTTTATGACGGTAAACAATGGGTGATTCGACGACGACGGCGGCC
 ACAAGACCTCCACCAATTGGAAGATCACTCAGAAGCCATTTGGTGATAACGTGGAACAAGATATGGAGATTC
 CGAGGTGGGCAGACGAGTACAATCACAACAAGAATGCGGTTGACCGTTTTGACCAATTCAAAGCCGAACGCCA
 AATCAATCGACTTTGTTATCGAACATGGAAGCCTCTTTGGAACCTCCTCTTCCAATCATCGATCATCAGTGCA
 TATCTGCTCACTTGTAGAGGCTTGGATGACGATGAGAAACCTCCATTCGCGTCCCTGAACGCATTCGCCAGA
 GGCTTTGGGAGCAGCTCTTTGAACGCTCAGAACGCGTTGACGGACGCGTGGACGAGCAGAGCCTCGTTATCG
 TGAGATTCACGCGAAGAACATCAATATGAGAGGCTTAAGGTCCAAGGGAACGCAGTGAATGTATGGCTAAC
 ATGCGCAAATCAACGCGTATTGGAAGCCACTTGACAGCGTTCCACCAACATTCGGCCACCAAGGCCAAGGT
 GGGGCTGTGGGCTATGTAATCTGAATCTTTGTGAAGGCATTTGCTTCAAAAAACACTTGAATCGGGTGATAGG
 AAGCAGTTGAATTTGATGTGGAAGTTGGGCTCGATTTGGTGCGAATTCGTCGCGATTTAGATCTAAAACACC
 AAGATTTGGGCCGTAAATCGAATATATATAAATGCAAATAGACTCATTTGAAATTTGACAGCTTATGCGACCTC
 AAAACACTACGTTTTAGTTGAATTATTGCGATTATTGGGCTGCGAAAAGCCCCTGATGACTTTGGTGTCTGA
 CCCCTGTCACCACCCCTGTGCTCTCAAGCTCTCCATAGATTGAGAGCATATCCAGCCTACGAAGGGATACCA
 CTGCCCCCTCCTGGCGGCTTCCGCCCTGGCTGCTCCTGCCGACGACACTTTCGGCTACGAGCTCGTTCGCCGT
 GCGAACTTCCCTATTCCTGCCTCCAAGGGCACCGTCAAGTACAGCGCTGCCAAGTCCATCTCCGGCACTTTTCG
 ATGGTGGCCTGAAGACCCTACAGCCGTGGTGTCAAGTGCATCGGTGAGGCTGAGGGCGGTGACAAAAAGCCG
 TCTTCATCCCTGAGGACGGTGTAGCCTCAAGAGCGCCATCACTGGCACCGAGCAGATCGAGGGCGTCCACTG
 CAAGGGGCTCCTGCACTATCGAGAACGTCTGGTGGGCTGGTGTCTGCGAGGATGCTCTCTCCCTCAAGGGCAA
 CGGCAACGCCAAGATCATTGGTGGCGGTGCCACTGGTGGCAGACAAGGGTAAGCTCTCTCTGCAAGAGCG
 TTGCGATCGGATTTCTAACACTCTCTGGTGCAGGTATCCAGCACCGGTTTTGGATCCGTCTCTATTGACGGC
 TTCCTGTTGCCGATTTCCGCAAGCTCTACCCTCTTGGCGAAACTGCAAGAAGCAGGGCAAGAGAACTGTCA
 CCATCAAGAATGTCAAGGCATCATCCGGCAAGCTGCTCGCTGGTATCAACTCCAACACTACGGCGACACTGCTAC
 CATCACCGGCACCTGCGCTGCCTCCGTCAAGAAGATCTGCACCGAGTTCATGGGCAACAACAGCGGCAAGGAG
 CCCAGTGTGGTTTTCAATCTCGATCTTATCAATCTTATCAATCGATCCCTATCAATCGATATCAAGTCCATCA
 TGGAAATTGAATTGACGATTGATAAGGATCGACAGCCTCCTGGTTGCCCTGCCAAACGCCACCAAACAACGCC

 ATAAAACACGCCCCGAGGGAGCCGACGGACCCGAAATGCATCAAACAGTCCTCTTCTATTGCATTATCAATTA
 TCGGGCATGGATG

5 SEQ ID NO: 26
 LONGITUD: 1707
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*
 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
 UBICACIÓN: (1) (1707)

atgttccattcaaattggcgaaggaccgtgggatccttgacgagtattacaccgacgaacag
 M F H S N G E G P W D L D E Y Y T D E Q
 tacgaaattaacctcacacagacggctgcagtggtgcccgatttggtggctcagttatgc
 Y E I N L T Q T A A V V P D L V A Q L C
 ccacatgagctgccatttgacagcccaaaatacatcgtttgatagacaatctgcttact
 P H E L P F D S P K Y I V W I D N L L T
 tctgcgcggttatgacaacgctccggaacgagaatattggcgctgcagggactgttcga
 S A R L M T T L R N E N I G A A G T V R
 atgggcaagacacagcgtgagaagaatgaagagaaggcagctagcaaaaagaagcaagcc
 M G K T Q R E K N E E K A A S K K K Q A
 accaaagaagataaccgtggtttacaccaaaggcttcgagatttgaggtcaaaaaatgaa
 T K E D N R G L H Q R L R D L R S K N E
 ggacagatcgaatggggcagcagctattgctgtctatcacaggacgagcagtcgaatgaa
 G Q I E W G T Q Y C C L S Q D E Q S M Q
 tttggctggcaggatgcaagaattgtgctattcatgagcactgttcatgacggtaaacia
 F G W Q D A R I V L F M S T V H D G K Q
 tgggtgattcgacgacgacggcgcccaaaagacctccaccaattcgaagatcactcag
 W V I R R R R R P T K T S T N S K I T Q
 aagccatttggtgataacgtggaacaagatatggagattccgaggtgggcagacgagtac
 K P F G D N V E Q D M E I P R W A D E Y
 aatcacaacaagaatgcggttgaccgttttgaccaattcaaagccgaacgccaaatcaat
 N H N K N A V D R F D Q F K A E R Q I N
 cgactttgttatcgaacatggaagcctctttggaacttcctcttccaatcatcgatcacc
 R L C Y R T W K P L W N F L F Q S S I I
 agtgcataatctgctcactttagaggcttgatgacgatgagaaacctccattcgcgtcc
 S A Y L L T C R G L D D D E K P P F A S
 ctgaacgcattccgccagaggctttgggagcagctctttgaacgctcagaacgcgttgac
 L N A F R Q R L W E Q L F E R S E R V D
 ggacgccgtggacgagcagagcctcgttatcgtgagattccacgcaagaacatcaatat
 G R R G R A E P R Y R E I P R E E H Q Y
 gagaggcttaagggtccaagggaaactgcagtgaaatcctacgaagggataccactgccccct
 E R L K V Q G N C S E S Y E G I P L P P
 cctggcggttccgccctggctgctcctgccgacgacactttcggctacgagctcgttcc
 P G G F R P G C S C R R H F R L R A R S
 ccgtgcgaacttccctattcctgcctccaagggcaccgtcaagtacagcgtgccaagtc
 P C E L P Y S C L Q G H R Q V Q R C Q V
 catctccggcactttcgatgggtggcctgaagaccctacagccgtgggtgtcaagtgcacg
 H L R H F R W W P E D P T A V V S S A S
 gtcaggctgagggcggtgacaaaaagccgtcttcatccctgaggacgggtgctagcctca
 V R L R A V T K K P S S S L R T V L A S
 agagcgcctcactggcaccgagcagatcgagggcgtccactgcaaggggctcctgcact
 R A P S L A P S R S R A S T A R G S C T

ES 2 674 922 T3

atcgagaacgtctggtgggctggtgtctgcgaggatgctctctccctcaagggcaacggc
I E N V W W A G V C E D A L S L K G N G
aacgccaagatcattggtggcggtgccactggtgccgaagacaagggatccagcaccg
N A K I I G G G A T G A E D K G H P A P
gttttggatccgtctctattgacggcttcactggtgccgatttcggcaagctctaccgct
V L D P S L L T A S L L P I S A S S T A
cttgcggaactgcaagaagcagggcaagagaactgtcaccatcaagaatgtcaaggcat
L A E T A R S R A R E L S P S R M S R H
catccggcaagctgctcgctggtatcaactccaactacggcgacactgctaccatcaccg
H P A S C S L V S T P T T A T L L P S P
gcacctgctgctcctccgtcaagaagatctgcaccgagttcatgggcaacaacagcggca
A P A L P P S R R S A P S S W A T T A A
aggagcccagtggtggttttcaatctcgatcttatcaatcttatcaatcgatccctatcaa
R S P V W F S I S I L S I L S I D P Y Q
tcgatatcaagtccatcatggaattga
S I S S P S W N -

SEQ ID NO: 27
LONGITUD: 568
TIPO: PRT

5 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MFHSNGEGPDDLDEYYTDEQYEINLTQTAAVVPDLVAQLCPHELFPDSPKYIVWIDNLLTSARLMTTLRNENI
GAAGTVRMGKTQREKNEEKAASKKKQATKEDNRGLHQRLDLRSKNEGQIEWGTQYCCLSQDEQSMQFGWQDA
RIVLFMSTVHDGKQWVIRRRRPTKTSTNSKITQKPFQDNVEQDMEIPRWADEYNHNKNAVDRFDQFKAERQI
NRLCYRTWKPLWNFLFQSSIISAYLLTCRGLDDDEKPPFASLNAFRQRLWEQLFERSERVDGRRGRAEPRYRE
IPREHQYERLKVQGNCSSEYEGIPLPPGGFRPGCSCRRHFRLRARSPELPSYCLQHRQVQRCQVHLRHF
RWWPEDPTAVVSSASVRLRAVTKKPSSSLRTVLASRAPSLAPSRRASTARGSCTIENVVWAGVCEDELSLKG
NGNAKIIGGGATGAEDKGHPAPVLDPSLLTASLLPISASSTALAEARSRARELSPSRMSRHHPASC SLVSTP
TTATLLPSPAPALPPSRRSAPSSWATTAARSPVWFSISILSILSIDPYQSISSPSWN*

SEQ ID NO: 28
LONGITUD: 1922 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

10

ES 2 674 922 T3

CAAGATGTGCTTTTGGCTCTCCAGGACATTCCTCTCCATCCCTCGTTTCCAATCACTTTTCAGTCTTTGCCACTC
CTTCGCTGTCCACTGTAGTCCGGAACATACATCAGTAAACCACCTTCTTTTCCAACAGACCCCATCACATCCGC
CAAAATGGTCAACATTGCTGCCGTCTGCCGCGCTGCGGCTTTCTTTCTTCTCCTGTCTCGCCGCCGCCAGAGC
GGTGTGCTTGGTACCCCTTCCGGTTTTCGCCGCCGGCACCCTGGTGGTGGTGACGCTGCCGCCGCCGCTCCCT
CCGACGTTGCTGAGCTCATCTCTTGGCTTGAGGATGAGACTCCCCGTGTCATCCTCATCGACAAGGAGTTCAA
CTTCTCGGCACGGAGGGCACCAAGAGCGATCAGGGCTGCCGTCCCAGACGAACAAGTGCCCTGGCAAGGGT
GGCCAGGATGCCATCAACCAGGCCAACTGGTGCACAACGGCAACGCTGGCGAGGGTGTCTCGGCCGTCACCG
TCAAGTACGACCAGGCTGCGCTCAAGGGCATCGCTGTCAAGAGCAACAAGTCCATCGTCCGTGTTGGCGACAA
GGGTGTCTCAAGGGCAAGGGCCTCAGCCTGACTGGTGGCGTTGAGAACGTTATCATCCAGAACATCCACATC
ACCGACCTGAACCCCGAGTACATCTGGGGTGGTGTATGCCATCACGCTCGCTGGTTCGGACAAGGTCTGGAGTA
AGTACTTCCGAACCTGTTTCGATCCCATACGGTTGGCCTTGAAACCCAAATCGGGAAACGCACTATAACCCATA
TGGAATTTTCTACGAACATCGAGACACCGCAGCAGAACACGAGTTTACGCCATTGCTTGTCTGTGGCTG
TCAATGCTGTCTCGAAGTCCCTGTATGCTGTTTGGCTTGATGCGCTAGTGCCTTCCCTGAGAGAGGTGCCAC
CACACCATCATGCCCCAAGCTCCCTTACCCCTTTCCAGCATCCACATCATGCTATATCCTTTACTATGCTT
TCAACAGTAAACTAACGCCCCGAAACGTCGATCATGTCAAAATTTCTCTCGTCGGTCGCCAGATGATCGTTAC
CGGCTACGACAAGGCCGGTAGGGTCACGATCTCCAACCTCCGAGTTCGACGGCCAGACCGACTGGTCCGCCTCC
TGCAACGGCGAACACTACTGGACCGTCTCGTGTACGGTGGCGACGACCAGATCACCTTCGCAACAACATA

TGCACGACACCTCGGGCCGTTCCGCCAAGATCGGTGGTGCCGACGGCGCTGGCATCACCTTCCACGCGGTCAA
CAACGTCTTCCAGACCAACAAGGGCCATAACTTCGACATCGGCTCCGGTGCCGAGGTTTTGCTCGAGGGTAAC
ACCTTCAACGAGTGAACCAGCCCATCACCTCCAAGTCGGCCAACGAGGGCGGCCATCTTCAACACCCCT
CCGGCTCCGAGAGCTCCTGCTCCAGCTACCTCAAGCGCGCTGCCAGGCCAACACTCTCACCAGCTCCGGTGA
CTTCGGCACTTACAAGGACACCTCGGTTCTCGAGGGCTTCAACGGCGCCACCTCCATCTGGGAGGCCGTCAGC
GCTGAGGAGGCTGCTGCGTCCGTCATCGCCAACGCCGGTATTTGGCAAGCTCCAGGGCGGTGCTAGCAACTCCA
CTGCCAAGTTTCAAGTATGCTTCTTCCCTTCAACCCTGTATCACAGGAGACATGTACTAATAATTCTCTCCTCTG
CAGGGCGCTTCCAATCCTAGATTAATAAGCACGATCGACCGAATACTAGCATCAGTACGGTTTTTAGATAAAA
AGGGATCTGTCTGGTTTACTGTAGATATTTAGCCTTCCCTTCTTTGGCTTCACATATTTTAACTTTACAGCC
CAAGAGGGCTCAATGCAAATACTT

5 SEQ ID NO: 29
LONGITUD: 1314
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (1314)

ES 2 674 922 T3

atggtcaacattgctgccgtctgccgctgctgctgttcttcttcttctgctcctcgccgccc
M V N I A A V C R A A A F F L P V L A A
gcccagagcgggtgctgttggtagcccttccgggttccgcccggcaccactggtggtggt
A Q S G V V G T P S G F A A G T T G G G
gacgctgccgcccgcctccctccgacgttggctgagctcatctcttggcttgaggatgag
D A A A A A P S D V A E L I S W L E D E
actccccgtgctcatcctcatcgacaaggagttcaacttccctcggcaccgagggcaccaag
T P R V I L I D K E F N F L G T E G T K
agcgatcagggctgccgtcccgcacagcaacaagtgcctggcaaggggtggccaggatgcc
S D Q G C R P D S N K C P G K G G Q D A
atcaaccaggccaactggtgacgacaacggcaacgctggcgaggggtgctcggccgtcacc
I N Q A N W C D N G N A G E G V S A V T
gtcaagtagcaccaggctgctgctcaagggcatcgtgctcaagagcaacaagtccatcgtc
V K Y D Q A A L K G I A V K S N K S I V
gggtgtggcgacaaggggtgctcctcaagggcaagggcctcagcctgactggtggcggtgag
G V G D K G V L K G K G L S L T G G V E
aacgttatcatccagaacatccacatcaccgacctgaacccccgagtacatctgggggtggt
N V I I Q N I H I T D L N P E Y I W G G
gatgccatcacgctcgtggttccgacaaggtctggatgcttctcctgagagagcatccc
D A I T L A G S D K V W M R F L R E H P
acatcatgctatctcttactatgctttcaacagtaaaactaacgcccgaacgctcgat
T S C Y I L Y Y A F N S K T N A R N V D
catgtcaaaaatttctctcgtcgtgctgcccagatgatcgttaccggctacgacaaggccggt
H V K I S L V G R Q M I V T G Y D K A G
agggtcacgatctccaactccgagttccgacggccagaccgactggtccgcctcctgcaac
R V T I S N S E F D G Q T D W S A S C N
ggcgaacactactggaccgtcctcgtgtacgggtgccgacgaccagatcaccttcgcaaac
G E H Y W T V L V Y G A D D Q I T F A N
aactacatgcacgacacctcgggcccgttcgcccgaagatcgggtggtgccgacggcgctggc
N Y M H D T S G R S P K I G G A D G A G
atcaccttccacgcggtcaacaacgtcttccagaccaacaagggccataacttcgacatc
I T F H A V N N V F Q T N K G H N F D I
ggctccgggtgccgaggttttggctcagagggtaaacaccttcaacgagtgaaccagcccatc

G S G A E V L L E G N T F N E C N Q P I
acctccaagtcggccaacgagggcgggccatcttcaacacccccctccggctccgagagc
T S K S A N E G G A I F N T P S G S E S
tctgctccagctacctcaagcgcgctgccaggccaacactctcaccagctccggtgac
S C S S Y L K R A C Q A N T L T S S G D
ttcggcacttacaaggacacctcgggttctcagagggcttcaacggcgccacctccatctgg
F G T Y K D T S V L E G F N G A T S I W
gaggccgtcagcgtgaggaggtgctgctcgtccgtcatcgccaacgcccgtattggcaag
E A V S A E E A A A S V I A N A G I G K
ctccagggcggtgctagcaactccactgccaagttcagggcgttccaatcctag
L Q G G A S N S T A K F R R F Q S -

SEQ ID NO: 30
LONGITUD: 437
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

MVNIAAVCRAAAFFLPVLAQAQSGVVGTTPSGFAAGTTGGGDAAAAPSDVAELISWLEDETPRVILIDKEFNF
LGTEGTKSDQGCRPDSNKCPCGKGGQDAINQANWCDNGNAGEGVS AVTVKYDQAALKGI AVKSNKSI VGVGDKG
VLKKGKLSLTGGVENVI IQNIHITDLNPEYI WGGDAITLAGSDKVW MRFLREHPTSCYI LYYAFNSKTNARNV
DHVKISLVGRQMI VTYGDKAGRVTI SNSEFDGQTDWSASCNGEHWTVLVY GADDQITFANNYMHDTSGRSPK
IGGADGAGITFHAVNNVFQTNKGHNFDIGSGAEVLLEGNTPNECNQPITSK SANEGGAI FNTPSGSESSCSSY
LKRACQANTLTSSGDFGTYKDTSVLEGFNGATS IWEAVSAEAAA SVIANAGIGKLQGGASNSTAKFRRFQS*

5 SEQ ID NO: 31
LONGITUD: 1326 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ACCAATCGTCACAGATCCGCTGGACACGATGCAGCGTGCACATATAGATCGGCTCCGCAGCGTTAATGCTGTC
CTCCAGCAGCAGCCTCAACTTTCTCTTACCTTTCTCTTACCTTTCTCTTACCACCAGCCCAGCCCACCCT
CACCATGAAGTTTCTTTCCACTTTGGCCCTGGCGGCCCTCGCGCACCTGGCGTGCGCCGTCCCCATGGCCGAG
AAGCGTGCCCCCGCGGCCACGCCCTCGGCTACGCCTCGCAGAACGGCGGCGTGACCGCGGTGACGGCGGCA
CCACCACCACCGTCTCCTCGCTGCCGAGATGACGGCTGCCCTTAAGAAGGGGACACGGAGAAGAAGGTGCT
CTACGTCAAGGGCAAGATCTCCGGCAAGGCGAAGATCTACGTGGCTCGAACAAGGTGCGGCCTCACCCTTC
ACTCCATGACATCCGGGTAGCTAACGCAGCCTGCAGTCCATCCTCGGCGTTGACTCCAGCTCCGGCTCGAGG
GCATCGGACTCCTCGTCCGTGACGCCAAGAACGTCATCATCCGCAACCTGGCCATCTCCAAGGTGAGGCCGA
CACGGGCGGCGACGCCATCGCCATCGACGGCTCCACCAACGTCTGGGTGACCACTGCGACCTGTCCAGCGAC
CTGGCCGCCGACAAGGACTTCTACGACGGCTGCTCGACATCTCCCACGGCGCCGACTACGTACCGTCTCGA
ACGTCTACTTCCACGACCACCACAAGAACTCGCTCGTCCGCCACTCCGACTCCAACGCCGCGGAGGACACGGG
CAAGCTGCACGTACCTACGCCAACA ACTACTGGAGCAACGTCCGGCTCGCGCTGCCCGCTCGTGCCTTCGGC
ACCGTCCACATCGTCAACA ACTACTTTCGAGGACGTCTCCGTCTCCGGCATCAACACCCGCATGGGCGCCAGG
TCCTCGTTCGAGAACAACGTCTTCAACAACGTCTGTCAGGCCCTCGTCTCGATCGACTCCAAGGAGCTCGGCTA
CGCCGTCCGCGGAGGCAACGACTGGGGCACCTCCAAGAACGAGGCCCCCGAGGGTACCCTTACCAAGGTGCCT
TACACCTACACCGCTGTTGAAGCGAGCGCGGTCAAGGCTGCTGTTGTGGCAGCGCGGGCAACACCCCTCTCTG
GCTTGTAACATTTGACCTCGACGGGTTGCTCGAGAGAAGCCTATCTACATAGCCTGTGTTTACAAGCAATTC
TCTGTAGATATTTTATACAATCTCTAATTGTAATACGAAATCAAATCCGAATTAGTGAATGCTTGCCCTTA
AGCTCTTCGGAG

10 SEQ ID NO: 32
LONGITUD: 972
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
15 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (972)

atgaagttttctttccactttggccctggcgccctcgcgcacctggcgtgcgccgtcccc
M K F L S T L A L A A L A H L A C A V P
atggccgagaagcgtgcccccgggccacgcccgtcggctacgcctcgcagaacggcggc
M A E K R A P A A T P V G Y A S Q N G G
gtgaccggcgtcagggcggcaccaccaccaccgtctcctcgctgcccagatgacggct
V T G G Q G G T T T T V S S L P E M T A
gcccttaagaagggggacacgggagaagaaggtcgtctacgtcaagggcaagatctccggc
A L K K G D T E K K V V Y V K G K I S G
aaggcgaagatctacgttggtcgaacaagtccatcctcggcgttgactccagctccggc
K A K I Y V G S N K S I L G V D S S S G
ctcgaggcatcggactcctcgtccgtgacgccaagaacgtcatcatccgcaacctggcc
L E G I G L L V R D A K N V I I R N L A

ES 2 674 922 T3

atctccaaggtcgagggcgacacggggcgagccatcgccatcgacgggtccaccaac
I S K V E A D T G G D A I A I D G S T N
gtctgggtcgaccactgcgacctgtccagcgacctggccgccaagaaggacttctacgac
V W V D H C D L S S D L A A D K D F Y D
ggcctgctcgacatctcccacggcgcgactacgtcaccgtctcgaacgtctacttccac
G L L D I S H G A D Y V T V S N V Y F H
gaccaccacaagaactcgctcgctcggccactccgactccaacgcccggcgaggacacgggc
D H H K N S L V G H S D S N A G E D T G
aagctgcacgtcacctacgccaacaactactggagcaacgtcggctcgcgctgcccgctc
K L H V T Y A N N Y W S N V G S R C P L
gtgctcttcggcaccgtccacatcgtaacaactacttcgaggacgtctccgtctccggc
V R F G T V H I V N N Y F E D V S V S G
atcaacacccgcgatggcgcccaggctcctcgctcgagaacaacgtcttcaacaacgtcgtg
I N T R M G A Q V L V E N N V F N N V V
caggccctcgctcgcactccaaggagctcggctacgccgctcgcgaggaacgac
Q A L V S I D S K E L G Y A V A R G N D
tggggcacctccaagaacgagggccccggagggtacccttaccaaggtgccttacacctac
W G T S K N E A P E G T L T K V P Y T Y
accgctggtgaagcgagcgcggtcaaggctgctggtggtggcagcggggcaacaccctc
T A V E A S A V K A A V V G S A G N T L
tctggcttgtaa
S G L -

SEQ ID NO: 33
LONGITUD: 323
TIPO: PRT

5 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MKFLSTLALAALAHLACAVPMAEKRAPAATPVGYASQNGGVTGGQGTTTTVSSLPEMTAALKKGDTEKKVY
VKGKISGKAKIYVGSNKSILGVDSSSGLLEGIGLLVRDAKNVIIRNLAI SKVEADTGGDAIAIDGSTNVVDHC
DLSSDLAADKDFYDGLLDISHGADYVTVSNVYFHDHKNLSLVGHSDSNAGEDTGKLVHTYANNYWSNVGSRCP
LVRFGTVHIVNNYFEDVSVSGINTRMGAQVLVENNVFNVVQALVSI DSKELGYAVARGNDWGT SKNEAPEGT
LTKVPYTYTAVEASAVKAAVVGSAGNTLSGL*

SEQ ID NO: 34
LONGITUD: 1320 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

10

TCTCCAAGTTCATCTTCATCTTCAGTCTTTCTCTATTAACGCGTGTGACTCGCGCCATTCTTTGACAGCCATC
AGCCTGCTGAGCAGCTTGACCACATATTCCTTCCCTTGAAAGTTCCTGTTGCTCAACAACACTTCCACCGC
AACCATGAAGGCCACCACCTCGCTACTTTTGTCTTTCCGCGGTGAGCGCTCTGGCAGCGCCACCACAGACC
TTCGCCAAGCGTGCCGCCATCACTGACGGCCCCGACGTGCGGTATGCCACCCTGAACGGTGGCACCCTGGCG
GTGCTGGCGGTTCCACCACCACCGTCTCCAGCCTGGCCAGTTCACCGCTGCCGCCGAGGCTGATGGCGCCGC
CGTCATTGTCTGCTCCCGCAACATCTCTGGCGCCGCCAAGGTCCGCGTCCGGCAGCGACAAGACCATCATCGGC
AAGGACTCCAGCGCCGTGCTCGAGGGCGTGGTCTCTACATCAACAAGCAGAAGAAGCTCATCGTCCGCAACC
TGTCCATCAAGAATGTGCTTGCGGAGAATGGTGACGCCATCGGCATCCAGGCTTCCAGAACGCTGGATCGA
CCACTGCGACCTGTCTCGGACCGTGACCACGACAAGGACTACTACGACGGTCTCCTCGACGTGACCACGCC
TCTGACTACATCACCTGTCCAACAACACTCCATGACCCTGGAAGGCTCGTCTGTCGGCCACTCCGACT
CCAACGGCTCTGAGGACAAGGGCCACTTGACCGTCACTACTACCAGAACCCTCGAGAACCCTGAACTCGCG
TGGTCTTCTTTCCGCTTCCGACCGGTACATTGTATGTTGCCACCAACCTGACACCACAGTAATGATTCT
AACGGCAAATGCTAGGTCAACAACCTCTACACCAGCGTCAGCGACGGTATCAACGCTCGCCAGGGCGCCAGC
TCCTTGTGAGGGCAACGCTTCTCACTGGCAGCAAGAAGCCGCTGTACAGCACCGATGCCGGCTACGCCGCCGT
CAACGACAACGACTTCGGCGGCGCTGAGAACACTGCTGAGGCTGGCACCCCTCACTGCCTCTGACCTCGGCTAC
AAGTATACCGCTCTGAAGTCTTCCGAGGTCTCTGCCCGCTTCCAAGTCGGCTGGCGCCACGCTCACTTTCT
AAACGAAGTCGCGACGCTCTCTCGTTTTGGAACTCGCCGAATGCCGAGCCAGGGTTCGGATGCATGGAAGG
AATGCATTGTGATGGATGAAGAGCAACATACTTTTTTGGGGGGGAAAAAGCACAGGGCGTCTACTTTTTTCAT
GTACAT

SEQ ID NO: 35
LONGITUD: 966
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (966)

5

atgaagccaccaccctcgctacttttgcctttccgccgtgagcgctctggcagcgccc
M K A T T L A T F A L S A V S A L A A P
accaagaccttcgccaagcggtgccgccatcactgacggccccgacgtcggctatgccacc
T K T F A K R A A I T D G P D V G Y A T
ctgaacggtggcaccactggcggtgctggcggtccaccaccacgctctccagcctggcc
L N G G T T G G A G G S T T T V S S L A
cagttcaccgctgccgccgaggtgatggcgccgctcattgtcgtctccggcaacatc
Q F T A A A E A D G A A V I V V S G N I
tctggcgccgccaaggtccgctcggcagcgacaagaccatcatcggaaggactccagc
S G A A K V R V G S D K T I I G K D S S
gccgtgctcgaggcgctcgtctctacatcaacaagcagaagaacgctatcgtccgcaac
A V L E G V G L Y I N K Q K N V I V R N
ctgtccatcaagaatgtgcttgccgagaatggtgacgccatcggcatccaggcttcccag
L S I K N V L A E N G D A I G I Q A S Q
aacgtctggatcgaccactgacgacctgtcctcggaccgtgaccacgacaaggactactac
N V W I D H C D L S S D R D H D K D Y Y
gacggtctcctcgacgtgaccacgcctctgactacatcacctgtccaacaactacctc
D G L L D V T H A S D Y I T L S N N Y L
catgaccactggaaggcctcgctcgtcggccactccgactccaacggctctgaggacaag
H D H W K A S L V G H S D S N G S E D K
ggccacttgaccgtcacctactaccagaaccacttcgagaacctgaactcgcggtggtcct
G H L T V T Y Y Q N H F E N L N S R G P
tctttccgcttcggcaccggctcacattgtcaacaacctctacaccagcgtcagcgacggt
S F R F G T G H I V N N L Y T S V S D G

10

atcaacgctcgcagggcgccagctccttgttgagggaacgtcttcaactggcagcaag
I N A R Q G A Q L L V E G N V F T G S K
aagccgctgtacagcaccgatgccggctacgcccgctcaacgacaacgacttcggcggc
K P L Y S T D A G Y A A V N D N D F G G
gctgagaacactgctgaggtggcaccctcaactgcctctgacctcggtacaagtatacc
A E N T A E A G T L T A S D L G Y K Y T
gctctgaagtcttccgaggtctctgcccgcgtctccaagtccggtggcgccacgctcact
A L K S S E V S A A V S K S A G A T L T
ttctaa

F -

SEQ ID NO: 36
LONGITUD: 321
TIPO: PRT

5 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MKATTLATFALSAVSALAAPTKTFAKRAAITDGPVGYATLNGGTTGGAGGSTTTVSSLAQFTAAAEADGAAV
IVVSGNISGAAKVRVGS DKT I I GKDSSAVLEGVGLYINKQKNVIVRNLSIKNVLAENGDAIGIQASQNVWIDH
CDLSSDRDHDKDYDGLLDVTHASDYITLSNNYLHDHWKASLVGHSDSNGSEDKGHLTVTYQNHFENLNSRG
PSFRFGTGHIVNNLYTSVSDGINARQGAQLLVEGNVFTGSKKPLYSTDAGYAAVNDNDFGGAENTAEAGTLTA
SDLGYKYTALKSSEVSAAVSKSAGATLTF*

SEQ ID NO: 37
LONGITUD: 1896 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

10

CAGCCAATACGGTGGCCTGAAACATACTCATATTCCTATATCCAATTCACCCAGAAACATATTTACACGGCC
CGTCCCTTAGCCCAATTGACCCCGGAAGCGTCTCTCTTTTTCCCTTACGCTCGTTTCTTTTTCTCCCTGTCAT
GCTGATGGCGTCCFTGCTTCCCTGGCCCTAGTGGCCTTTCTTCTACTTTCTATGCTCTTCAGCCCTACAGT
GGCCCGGCGCCAGACCTTCTGATCGTAAGCCATTCGGCTTCGGTGCCGCGCCACAGGTGGCGGTACCCCCA
CGCCGAACAATACCTACCTGGTTCGACAACATGCCTGATCTGCGGACCGTTCTAAAGATGGAGACTCCCCGCAC
AGTTTACGTGAAGGGCGAGATCAAAGGCAACGAAATCAACGAGACCACGACCGGCAATTGCCAATTTACATT
GACAGCAGCAACAACCTCCAAGTTCAACTTTACCCCTCTACATCCAGAGCTACAACGAGACCTACATGGGCCAGG
TTAAGGCTGCCTCCGAAGCGGGCCAGCTATTCGACGGACAGAACCACCCAGCTCCTCAATCTACTCGGCCG
CCAGAACGTGAGCTTCCATGTGCCCGGAAAGGTTTCAAATAACAGCAACGCTAACCACCTCGCAGGGCTGG
CGCGGCCAAGTGCAAAAACGTGCAAAAAGTCTACGAAGCCATTGACGTGGCCAGCAACCTTACGCTTATCGGCT
GGGACTCGTCCGCGTACCTGAATGGCGTCAATCTCGGGTTCAAACGCGCTCCAACATCATCATGCGCAACCT
GCGCATTTTCGTGCGCCGCTGACTGCTTCCCGTTCGCCGAAACCTACCCAGCAGCTGGAACGCGCGTTACGAC
GCCGTGTCCATGGTFCGACGACGACCGCGTGGCTCGACGGCAACATCTTCGAGGACGGCCCCGTGCGCGTGC
CGCCGACGACTTCGCGGGCGGGTGAAGGTCGACCGGTACGACGGCTTGTTGACGCGGAGGACGGCAGCGA
CGACATCACCTTCTCGCACAACATCGTACCAACCACCACAAGAGCCTGCTGTGGGGCGGGCAACAAGGAG
GCGGACCGCGACATCGGCAAGATGAAGTTACCGTCTTCGGCAACCGCTTCGTGACAGCTTGTCGCGCAACC
CGCTGATGCGCTTCGGCACCTTCTACATCGTCCCAACGCTCTTCGAGAACTACGCCGAGCGCGCGCGCTGTT
CGAGGACGACAGCGTCCCGCGAGCGCGCGCCCTCGCGGCTCGTTCGACGCGCGGACAATGCCACCACCTAC
AGGCCGGACTTCCAGTACAACATGGGCATCTACAACGCCAGCACCCTGTACGTCGCGGCGAATGCGTTTGTCC
AGACGGGCACCTATGCGGACGATTGCTCGCGCTTCTCTCTCTCGGACCTTGCAGCCGGGCTGCCCGC
GACGCTGTGCTCGCCGCTGATGGCGCAACGGGACGGCGTCCGCGTCTCCCTGCCGAAGAGCGTTTCAAT
GGCAGGCCATTCGACCTTGCGAAGAATGCCAAGAACACGTGGGCGTATTTCTGGAGAGCAAGAATGAGGACG
GCGAGTTCCCGAGGGTGGGTTTCGTGATTGGATGTGACGGGCTGGAGGAGCAGGAGACGCCGGTTGCGTTTAA
GGATGGTAACGAGGTCGATGCATATGTGCGGAAGAATGCAGGGCAGGTAGGGAGGGCGACGCCGTAGGGGTGC
AAGTGGATGCCAGGCTGATGGTTGGTGGTGAATGTTTGTGGAACCGCGAGCGGATAGACTTGGCGGGAAGTG
CCTCCTCTTGGCGGAAGGTATGCATGTACAATGGGTCAACGGTAGAGATCTGCGGCTTTTCCGGCGCGGG

15

SEQ ID NO: 38
LONGITUD: 1536
TIPO: ADN

ORGANISMO: *M. phaseolina*
 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
 UBICACIÓN: (1) (1536)

atggcgctcctgtcttcccctggccctagtgcccttttcttcactttcctatgctcttcag
 M A S C L P L A L V A F S S L S Y A L Q
 ccctacagtggccccggcgccagaccttctgatcgtaagccattcggttcggtgccgcc
 P Y S G P A P D L P D R K P F G F G A A
 gccacagtggtgggtaccccccacgccaacaatacctacctggctcgacaacatgcctgat
 A T G G G T P T P N N T Y L V D N M P D
 ctgcgaccgttctaaagatgggagactccccgcacagttacgtgaagggcgagatcaaa
 L R T V L K M E T P R T V Y V K G E I K
 ggcaacgaaatcaacgagaccacgaccggcaattgccaattctacattgacagcagcaac
 G N E I N E T T T G N C Q F Y I D S S N
 aactccaagttcaactttaccctctacatccagagctacaacgagacctacatgggccag
 N S K F N F T L Y I Q S Y N E T Y M G Q
 gttaaggctgcctccgaagcgggacagctattcgacggacagaacgccaccgagctcctc
 V K A A S E A G Q L F D G Q N A T E L L
 aatctactcggcccgccagaacggctggcgccgccaagtgcaaaacgtgcaaaagtcctac
 N L L G R Q N G W R G Q V Q N V Q K S Y
 gaagccattgacgtggccagcaaccttacgcttatcggtgggactcgtccgctacctg
 E A I D V A S N L T L I G W D S S A Y L
 aatggcgctcaatctcgggttcaactcgcgctccaacatcatcatgcgcaacctgcgcatt
 N G V N L G F N S R S N I I M R N L R I
 tcgctcgcgcgctgactgcttcccgtcgcggaaacctaccccagcagctggaacgcgcgt
 S S P R D C F P S P E T Y P S S W N A R
 tacgacgcgctgtccatggtgtcgacgacgaccgcgtggctcgacggcaacatcttcgag
 Y D A V S M V S T T T A W L D G N I F E
 gacggccccgctcgcgctcgcgccccgacgacttcgcgggcggggtggaaggtcgaccggtac
 D G P V A V A P D D F A G G W K V D R Y
 gacggcttggttgacgcccaggacggcagcgacgacatcaccttctcgcacacaacatcgtc
 D G L F D A E D G S D D I T F S H N I V
 accaaccaccacaagagcctgctgtggggcggggcaacaaggaggcgaccgcgacatc
 T N H H K S L L W G G G N K E A D R D I
 ggcaagatgaagttcacctgcttccggcaaccgcttcgctcgacagcttgtcgcgcaaccgg
 G K M K F T V F G N R F V D S L S R N P
 ctgatgcgcttcggcaccttctacatcgctcgccaacgtcttcgagaactacgcccagcgc
 L M R F G T F Y I V A N V F E N Y A E R
 gcgcccgtgttcgaggacgacagcgtcgcgagcgcggccgcctcgcggtcgttcga
 A P L F E D D S V A A S A A A S R L V R
 cgcgcgacaatgccaccacctacaggccggacttccagtagacaacatgggcatctacaac
 R A D N A T T Y R P D F Q Y N M G I Y N
 gccagcaccgtgtacgtcgcgggcaatgcgcttccagacgggcacctatgcggacgat
 A S T V Y V A A N A F V Q T G T Y A D D
 tcgctcgcgcgcttctccttctcggaccttgacgcggggcctgcccgcgacgctgtgc
 S S R V F S F S D L A T P G L P A T L C

tcgccggctgatggcgcgaacgggacggcgtcgccgctcgccctgccgaagagcggttttc
 S P A D G A N G T A S A S S L P K S V F
 aatggcaggcctatcgaccttgcgaagaatgccaagaacacgtggcgatatttcctggag
 N G R P I D L A K N A K N T W A Y F L E
 agcaagaatgaggacggcgagttcgccgaggggtgggttcgtgattggatgtgacgggctg
 S K N E D G E F A E G G F V I G C D G L
 gaggagcaggagacgccggttgcggttaaggatggtaacgaggtcgatgcatatgtgceg
 E E Q E T P V A F K D G N E V D A Y V R
 aagaatgcagggcaggtaggaggggcgacgccgtag
 K N A G Q V G R A T P -

SEQ ID NO: 39
 LONGITUD: 511
 TIPO: PRT

5 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MASCLPLALVAFSSLSYALQPYSGPAPDLPRDKPFGFGAAATGGGTPTPNNTYLVDNMPDLRRTLVLKMETPRTV
 YVKGEIKGNEINETTTGNCQFYIDSSNNSKFNFTLYIQSYNETYMGQVKAASEAGQLFDGQONATELLNLLGRQ
 NGWRGQVQNVQKSYEAIDVASNLTLIGWDSSAYLNGVNLGFNSRSNIIMRNLRISSPRDCFPSPETYPSSWNA
 RYDAVSMVSTTTAWLDGNI FEDGPVAVAPDDFAGGWKVDRYDGLFDAEDGSDDI TFSHNIVTNHHKSLWGGG
 NKEADRDIGKMKFTVFGNRFVDSL SRNPLMRFGTFYIVANVFENYAERAPLFEDDSVAASAAA SRLVRRADNA
 TTYRPDFQYNMGIYNASTVYVAANAFVQTGTYYADSSRVFSFSDLATPGLPATLCS PADGANGTASASSLPKS
 VFNGRPI DLAKNAKNTWAYFLESKNEDGEFAEGGFVIGCDGLEEQETPVAFKDGNEVDAYVRKNAGQVGRATP
 *

SEQ ID NO: 40
 LONGITUD: 1798 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

10

CGGGTTTTGGGAATATCTCCGGGCTTCGGTGGACCGTCCATCCGCTCTGAGCATGCCAATATGTTTTCTTGCC
 TTTCTGTCCGTATATAAAAATGCCAGTCAAGAAGAATTCTCGTGTTCACACCTTTCTTCATCCGATCTCGCCT
 CAGTATGCGTGCATCAGTCTCAATTACGGTCTCGCTACTGGCATTGCCCCTGAGGGCGTGCCTGTTGGTGTG
 GTTGGGAGTCCGGAGGATTTGGCTCCGGGACAACAGGTGGAGGTAGTGCCACGCCGTTTATCCTTCGACCA
 CGAGCGAATTGCAGTCTACTTGAAGACGATGTTGCCCGAGTTATCGTCTGAACAAGGAGTATGCAACCAA
 ACAATTGTTTAATAAGCCTAAAACCTGACCATGTCCAGGTTCAACTTCAAGGGCACCACCACCCTGCGACGGG
 CTGCAGACCCACATCCAACACTTGCCCCGGTAATGGTGGCCAAGATGCAATTAATGCCAACGGTTGGTTAGTA
 TCTGCTGGTTGCTCTCATCTGGTTCTTTGTGACTAATGTTCAACGCAGGTGCGGAAGTGTCCGGCGGTCTCC
 GTGAAGTACGACACGGCCGCTATTACGCCATAAATCTCGGCTCTAACAAGTCTCTTATCGGCATTGGCACAT
 CTGGTGTCTATCCGCGGAAAGGGTCTCCGTATCGTCAAGTAACTAATCTTGTCTATCAGTTGACGAAGAACT
 TACAGTTGATGAAATCTCTCAGGCCAACGGAGCTAAAATGTCATCATCAAAAATATTCATATTACCGATCT
 CAACCCGAGTACATCTGGGGTGGAGATGCCATTACCCTGGATGGTGTGATCTGGTTTGGGTGGACCAGGTT
 AAGGGACGTATACTCCCGAACCTCGCTCGAGCATTATCTGACCTTGCCAACTACAGATCTCTCTCATCGGC
 CGCCAGATGTTTGTGCGGGGCTACGGGGCATCTAACAGAGTAACTATCAGCAACACGGAGTTCGACGGCTCAA
 CCTCCTGGAGCGCAACTTGCAGCGGCATGTACGTGCCGCCCTCCAGCCCACCACCCTCCTTTCTTCTACT
 GGAGTAGCTTAGATGCTAATATGCCTTATCTTTCTTCTAGCACTACTGGACTATTTTGTCTTTGGGCTCAAA
 CGACTTGATCACAATGAAAGGCAACTATATCCACCACACCAGCGCCGTGGACCCAAGATCGGAGGCAACACC
 CTGCTCCACGCCGTAAGTTCGCCCCACAAACACCTTGCCTCACCATCGCCTGCTGAAACATGCTATTTCC
 ACAGGTCAATAATGAGTGGTACGCCGTTTCGGGCCACGCCCTTCGACCTGGGCGAGTCGGGCGCCATGGCCGTT
 GCCGAGGGCAACGTTTTCCAGAACGTGCTCACGCCGCTGCTTTCCGCCGTCGAGGGCCGCATCTTCACGGCGC
 CCAGCACTAGCGCAACACCGCTGCGCGACCTACCTTGGCCGCAACTGCGTCTGCAACGCCCTTCGGCAGCAG
 CGGCACCTTCTCCGGAACCGACACCAGCTTCTTCTCCAACCTCAACGGCAAGACGATCGCGAGTGCAGCCGCC
 GCCGCATACAAGGATTCGACAGCGGGTGTGGGAAGATTTAAGGCGGAGCGGGTGGTTTTGCATTTAGGGC

TGTGATATTGCGTTGGATGTTGGAATGAGGTGAGCAAAAAGAAAATCTAAAATCAACGATCATGAATGCTGGCT
 GGAAGGAAATGTTTTGAGAATACTTGTGCTTTTTTTTTtATTACTG

SEQ ID NO: 41
LONGITUD: 1137
TIPO: ADN
5 ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (1137)

atgCGTgcatcagTctcaattacggtctcGctactggcatttgcCctgagggcgTgcgct
M R A S V S I T V S L L A F A L R A C A
gttggTgtggTtgggagTccgGagggatttggctccgggacaacaggtggaggtagTgcc
V G V V G S P E G F G S G T T G G G S A
acgCcggtttatcCcttcgaccacgagcgaattgcagTcctacttggaaGacgatgttggc
T P V Y P S T T S E L Q S Y L E D D V A
cgagttatcgTcctgaacaaggagTtcaacttcaagggcaccaccactgCgacgggc
R V I V L N K E F N F K G T T T T A T G
tgcagacccacatccaacacttgcCccggtaatggTggccaagatgcaattaatgccaac
C R P T S N T C P G N G G Q D A I N A N
ggTtggTgcggaagTgctccggcggtctccgtgaagTacgacacggccgctattacgccc
G W C G S A P A V S V K Y D T A A I T P
ataaatctcggctctaacaagtctcttatcggcattggcacatctggtgtcatccgCGga
I N L G S N K S L I G I G T S G V I R G
aagggTctccgtatcttgatgaaatctcttcaggccaacggagctaaaaatgtcatcatc
K G L R I L M K S L Q A N G A K N V I I
caaaatattcatattaccgatctcaaccgcagTacatctggggTggagatgccattacc
Q N I H I T D L N P Q Y I W G G D A I T
ctggatggTgctgatctggtttggTggaccacatctctctcatcgccgCccagatgTtt
L D G A D L V W V D H I S L I G R Q M F
gtcgcgggctacggggcatctaacagagTaaactatcagcaacacggagTtcgacgggctca
V A G Y G A S N R V T I S N T E F D G S
acctcctggagcGcaacttgcGacgggcatcactactggactatTTTgctTTTgggctca
T S W S A T C D G H H Y W T I L L L G S
aacgacttgatcacaatgaaaggcaactatataccaccacaccagcggccgTggaccaag
N D L I T M K G N Y I H H T S G R G P K
atcgGaggcaacaccctgctccacgCcgTcaataatgagTggtacgCcgTttcgggCcac
I G G N T L L H A V N N E W Y A V S G H
gccttcgacctgggCgagTcgggCgcatggcCgTtgccgagggcaacgTtttccagaac
A F D L G E S G A M A V A E G N V F Q N
gtcgtcagcCcgctgctttcGcccgtcGagggcCgcatcttcacggcGcccagcactagc
V V T P L L S P V E G R I F T A P S T S
gccaacaccgCctgCgCgacctaccttggcCgcaactgCgtcgtcaacgCcttcggcagc
A N T A C A T Y L G R N C V V N A F G S
agcggcaccttctccggaaccgacaccagcttcttctccaacttcaacggcaagacgatc
S G T F S G T D T S F F S N F N G K T I
gCgagTgcagccgCcgccgcatacaaggattcGacagcgggtgtggggaagatttaa
A S A A A A A Y K D S T A G V G K I -

10 SEQ ID NO: 42
LONGITUD: 378
TIPO: PRT
15 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MRASVSITVSLALFALRACAVGVVGSPEGFGSGTTGGGSATPVYPSTTSELQSYLEDDVARVIVLNKEFNFKG
 TTTTATGCRPTSNTCPNGGQDAINANGWCGSAPAVSVKYDTAAITPINLGSNKSLIGIGTSGVIRKGLRIL
 MKSLQANGAKNVI IQNIHITDLNPQYIWGGDAITLDGADLVVVDHISLIGRQMFVAGYGASNRVTISNTEFDG
 STSWSATCDGHHYWTILLGSDNLIITMKGNYIHHTSGRGPKIGGNTLLHAVNNEWYAVSGHAFDLGESGAMAV
 AEGNVFQNVVTPLLSPVEGRIFTAPSTANTACATYLRNCVVNAFGSSGTFSGTDTSFNSFNKGKTIASAAA
 AAYKDSTAGVGKI*

5 SEQ ID NO: 43
 LONGITUD: 1631 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

GGTGGTGGTCTTGCACCTCTTCCGGTCCACTACTCACATTAACCCGTTCAATCGTTCACACACATTCACCTTAT
 ATTCCAACCTCACACATTCGTTCTGTATCACGCAATCAATCTTTTTGTTTTGTTTTGATCTATTTTACG
 AAACATGAAGCTCACTCTCTTGTCTATTGTTCTCGCTCTTGCCACCAGACTCGGGCCACCAGGGTTACGGGC
 GCTGCCGAAGGCTTCGCCAAAGGCGTCACAGGGGGTGGCTCTGCTGCCCTGTACCCCCAAAAATATGTTG
 AGCTGACCAAATACCTTGGCGACGCTCAGCCCCGTGTCATCATCTTGGACAAGGAGTAAGTCCGCTATCACGG
 GAGGGCTTCAACCGCTCTATCTGGGGGATTTTCTCCAGCCGAACGAACGCTGACATCTATCTTCTCAGATTC
 AACTTCAAGGGCTCAGAGGGAACCGTCAAGGAGATGGGCTGCCGTCTCGTACCAAATGCTCCGAGACTGGCG
 GTGGCCAAGATGCCATCAACCACGCTAGCTGGTGCACAAACGGCAACGCTGGTGCCGGCTCCAAAGCCGTTTC
 TGTCACCTATGATAGAGCGGGAACCCCTCGCCTTAAAGGTAAACTCCAACAAATCCATTGTCCGGTGTCCGCAAC
 AAGGGTGTCTCCGCGGCAAGGGTCTCCGTCTCGCCGGCGCTAAGAACGTCATCATCCAAAACATCCACATTA
 CCGAGCTTAACCCTCAGTACATCTGGGGCGGTGACGGCATTAGATCGACGGCGCCGACATGGTCTGGATCGA
 CAGGTCCAAGATCTCTCGTGGGCCGGCAGATGCTTGTCTTGGCAACGGCGCGTCCGGCAGGGTCTCGGTC
 ACCAACAACGAATTCGACGGCTCTACTAGTATGCTGATCTCCATAGCCCCCTTGATCACAAAACGGCTAATCG
 CTCTTCCAGGCTGGTGGCTACCTGTGACGGTCAACTACTGGGCCCTCTACTTCCAGGTTCCAACGACA
 TGGTCACGTTCAAGGGTAACTACATCCACCACACTTCTGGCCGGAGCCCCAAGATCGGCGGTACCACGCTCCT
 CCACGCTGTAAGATCCCAATGATCCGTGTCTCGTGACTCGCGCTGATTCCACGCCAGGTCAACAACGCTGTG
 GTATGCCAACTCCGGCCACGCTTTCGAGATCCTCGCGCCCAAGTCAACGCCCTCATCGAGGGCAACATCTTC
 CAGAACGTCGTCGACCCATGAAGGCCAGCACGGGCAAGGTCTTTGCTCCCTCTTCGGTCCAGGCCGTCTGCA
 ATCGCGCTCTTGGCCGCGCTTGGCAGGCCAACTCTTTCGGCTCCTCTGGCCCCCTTGACCGGCACCGACAGCAG
 CTTCTCGGTCTGTTCAAGGGCAAGAACCCTGCTACTGCTTCCGCGCCAGCCCCGCCATTTCTGGCCGCGCT
 GGTGTCCGGAAGATTGCCTAAATGCTGGCTATGTTCTGGGTGGACGCTTGTGAGCAAGCTGTCTTGGCTGG
 TTGGGTGCATGCACTCAGTTGATAGGCACAACCAACAATCTCTGGACGTGTTATCTCACTTGTCTGGCACTGA
 GTGGGAATGATTTATGACAGTTTTT

10 SEQ ID NO: 44
 LONGITUD: 1137
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*
 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
 15 UBICACIÓN: (1) (1137)

atgaagctcactctcttgtctattgttctcgctcttggccaccagactcggggccaccagg
 M K L T L L S I V L A L A H Q T R A T R
 gttacggggcgtgccgaaggcttcgccaaaggcgtcacaggggtggctctgctgcccct
 V T G A A E G F A K G V T G G G S A A P
 gtcacccccaaaaatattggttgagctgaccaaataccttgccgacgctcagccccgtgtc
 V T P K N I V E L T K Y L A D A Q P R V
 atcatcttggacaaggaattcaacttcaagggtcagaggaaccgtcaaggagatgggc
 I I L D K E F N F K G S E G T V K E M G
 tgccgtcctcgtaccaaagctccgagactggcgggtggccaagatgccatcaaccacgct

ES 2 674 922 T3

C R P R T K C S E T G G G Q D A I N H A
agctggtgcacaaacggcaacgctggtgcccggctccaaagccgtttctgtcacctatgat
S W C T N G N A G A G S K A V S V T Y D
agagcgggaaccctcgccttaaaggtaaactccaacaaatccattgtcgggtgctggcaac
R A G T L A L K V N S N K S I V G V G N
aagggtgtcatccgcggaagggtctccgtctcgcggcgctaagaacgtcatcatcaa
K G V I R G K G L R L A G A K N V I I Q
aacatccacattaccgagcttaaccctcagtacatctggggcggtgacggcattcagatc
N I H I T E L N P Q Y I W G G D G I Q I
gacggcgccgacatggtctggatcgacaggtccaagatctctctcgtgggcccggcagatg
D G A D M V W I D R S K I S L V G R Q M
cttgtccttggaacggcgctccggcagggtctcggtcaccaacaacgaattcgacggc
L V L G N G A S G R V S V T N N E F D G
tctactagctggtcggctacctgtgacggtcaccactactgggccctctacttcaccggc
S T S W S A T C D G H H Y W A L Y F T G
tccaacgacatggtcaggtcaagggttaactacatccaccacacttctggccggagcccc
S N D M V T F K G N Y I H H T S G R S P
aagatcggcggtaccacgctcctccacgctgtcaacaacgtctggtatgccaactccggc
K I G G T T L L H A V N N V W Y A N S G
cacgctttcgagatcctcgcgccaagtogaacgccctcatcgagggaacatcttccag
H A F E I L A P K S N A L I E G N I F Q
aacgtcgtccgacccatgaaggccagcagggcaagggtctttgctccctcttcgggtccag
N V V R P M K A S T G K V F A P S S V Q
gccgtctgcaatcgcgctcttggccgcgcttgccaggccaactcttccggctcctctggc
A V C N R A L G R A C Q A N S F G S S G
cccttgaccggcaccgacagcagcttccctcggctctgttcaagggaagaaccccgctact
P L T G T D S S F L G L F K G K N P A T
gcttccgcccagccccgccatttctggccgcgctggtgtcgggaagattgcctaa
A S A A S P A I S G R A G V G K I A -

5 SEQ ID NO: 45
LONGITUD: 378
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MKLTLLSIVLALAHQTRATRVVTGAAEGFAKGVTGGGSAAPVTPKNIVELTKYLADAQPRVILDKEFNFKGSE
GTVKEMGCRPRTKSETGGGQDAINHASWCTNGNAGAGSKAVSVTYDRAGTLALKVNSNKSIVGVGNKGVIRG
KGLRLAGAKNVI IQNIHITELNPQYI WGGDGIQIDGADMVWIDRSKISLVGRQMLVLGNGASGRVSVTNNEFD
GSTSWSATCDGHHYALYFTGSNDMVTFKGN YI HHTSGRSPKIGGTTLLHAVNNVWYANS GHAF EILAPKSNA
LIEGNIFQNVVRP MKASTGKVFAPSSVQAVCNRALGRACQANSFGSSGPLTGT DSSFLGLFKGNPATASAAS
PAISGRAGVGKIA*

10 SEQ ID NO: 46
LONGITUD: 1573 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

ES 2 674 922 T3

CGGATGCCGTGCAGCTGTCAAAGTCATGATAAAAGTCCCCACTCCCAGGTACATAATGTGATCGGTAGTTCTG
CGCTCTCCTTTCCAACGGTTGTCCCTTGAGCTTCCCGTGCCATGGTAGCCTTTTCTTCCCTTACGTCTGGCAA
TGCCATGGCGTCCCTCCTGTCTCTATCCGTCTTTTCAGCTTTTCTTGCTTCACCGACACTTGCATACAGTCGT
GCTGAATGCCAGGCTCCATCTGCCGACCCCTGGCGGGCTGCGTACCCGGAACGCTGCTCGTCAGTCCAAACA
GCACCGTGACGGCTAACAAACAGCACCTCCTTTACCTCTGTCCAATCAGCTATCCTTTCCCTCGGCAACACCAC
CACACCGCCACCATCCTCATTCTTCCCGGCACCTATGTTGAGCAAGTCAATATCACCCGCCCGGGACCAGTG
ACGCTCCTCGGGCAGACTTCATCCCCGAACAATTCTCCACCAACGGCGTTAAGATCCTCTGGCGTCAGGCCA

CTGGCAACTCGGTCAACACCTTCGACAACGCCTATACCTCTGTCTCACTGTGCGCGCCGACCCTCGAGAGCAG
CCTAACAGGCAGCGGGCCACCAGGATACGCCGTCCCCGCCGCGCACGCCCTTCGGCAACGAGGACTTCCGCGCA
TACAACGTGACTTCGTCAACGACTACGCGCCCTACTCGGCCGCGCCGCGCACTCGCCATTAGCATCAGTACG
CCAACGCGGGCTTCTACTTCTGCGGCTTCTACAGCTATCAGGACACCGTAAGTGTTCATCTCCACTCGTCCACT
ACACGCAACAACAACATGCATCCGAGAATCCTTTTCCCCACCAACTAACGCCAAACCGCAAGGTCTACAT
CGGCAAGCTCGGCAACGCCTACTTCTACGACTCCATCATCGCCGGCCAAACCGACTTCTCTACGGCTTCGGC
ACCGCCTGGATCCAGTCATCGCAGCTCTCTCTCCGCTCCGCGGGCGGCGCATCACCGCCTGGAAGGGCACCA
ATACGTCTTCCCCAACGCCTACGGCGTCTACATCCACGACAGCGTTCGTCGAGAAGGCCAACGCCCTCGCTCTC
CATCGCCGGGCTCTGCGCCCTCGGCAGGCCCTGGAATGCGCAGCATCGCTCCATCTTCGCGAACACGTGGCTC
GATGACAGCATCAAGCCGAGCGGGTACATCATCTGGGGGAGCACGGATCCGAGGACCAACAATTACACGTTTA
TGGCGGAGTATGAGGACTTTGGGCCGGGTTGGAATGAGACCGGGAGGAGGGCGGCGAATATTACGAAGGTGTT
GACGGAGGCCGAGTATGAGCCGTATGACAGTCTGGAGAAGGTGTTCCAGTATCCGTTTCAGTGGCGAGTTCGGG
AACGTGGGGTGGATCGATGAGAGTCCGGAGGCTTGAGCCGGTGGGGATAGTGTGGATTGTGGTGGCCAGCGGC
GTAGACGAGGCGGATCTGGTAAGAACTGCGTAGCATGAATGAAATTCGTTTGTACATACGTCTTTATATCGAG
CAGCGCTTATGCAAGTTAAATGACGCCGTATTTGCATGCC

SEQ ID NO: 47
LONGITUD: 1182
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1).....(1182)

5

ES 2 674 922 T3

atggcgccctcctgtctctatccgctcctttcagctttttcttggcttcaccgacacttgca
M A S L L S L S V L S A F L A S P T L A
tacagtcgtgctgaatgccaggctccatctgccgacccccctggcgggctgctgacccgga
Y S R A E C Q A P S A D P L A G C V P G
acgctgctcgtcagtcctcaaacagcaccgtgacggctaacaacagcacctcctttacctct
T L L V S P N S T V T A N N S T S F T S
gtccaatcagctatcctttccctcggcaacaccaccacacccgccaccatcctcattctt
V Q S A I L S L G N T T T P A T I L I L
cccggcacctatggtgagcaagtcaatatcaccgcccgggaccagtgacgctcctcggg
P G T Y V E Q V N I T R P G P V T L L G
cagacttcatccccgaacaattcctccaccaacggcgtaagatcctctggcgtcaggcc
Q T S S P N N S S T N G V K I L W R Q A
actggcaactcgggtcaacaccttcgacaacgcctatacctctgtcctcactgtcgcgccc
T G N S V N T F D N A Y T S V L T V A P
accctcgagagcagcctaacaggcagcgggcccaccggatacgcctccccgcccgcag
T L E S S L T G S G P T G Y A V P A G T
cccttcggcaacgaggacttccgcgcatacaacgtcgcacttctgcaacgactacgcgccc
P F G N E D F R A Y N V D F V N D Y A P
tactcggccggcccgccactcgcattagcatcagctacgccaacgcgggcttctacttc
Y S A G P A L A I S I S Y A N A G F Y F
tgcggcttctacagctatcaggacaccgtctacatcggcaagctcggcaacgcctacttc
C G F Y S Y Q D T V Y I G K L G N A Y F
tacgactccatcatcgcggccaaaccgacttctctacggcttcggcaccgcctggatc
Y D S I I A G Q T D F L Y G F G T A W I
cagtcacgcagctctctctcogctcctcggcggcggcatcacgcctggaagggcacc
Q S S Q L S L R S C G G G I T A W K G T
aatacgtccttccccaacgcctacggcgtctacatccacgacagcgtcgtcgagaaggcc
N T S F P N A Y G V Y I H D S V V E K A
aacgcctcgtctccatcgcgggctctcgcgccctcggcaggccctggaatgcgcagcat

N A S L S I A G L C A L G R P W N A Q H
cgctccatcttcggaacacgtggctcgcgatgacagcatcaagccgagcgggtacatcatc
R S I F A N T W L D D S I K P S G Y I I
tgggggagcagcggatccgaggaccaacaattacacgtttatggcggagtatgaggacttt
W G S T D P R T N N Y T F M A E Y E D F
gggcccgggttggaaatgagaccgggaggggcggcgaatattacgaaggtggtgacggag
G P G W N E T G R R A A N I T K V L T E
gccgagtatgagccgtatgacagctcgggagaaggtgttccagtatccgttcagtgccgag
A E Y E P Y D S L E K V F Q Y P F S G E
ttcgggaacgtgggggtggatcgcgatgagagtcgggaggcttga
F G N V G W I D E S P E A -

SEQ ID NO: 48
LONGITUD: 393
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

MASLLSLSVLSAFLASPTLAYSRAECQAPSADPLAGCVPGTLLVSPNSTVTANNSTSFTSVQSAILS
SLGNTTTPATILILPGTYVEQVNI TRPGPVTL LGQTSSPNNSSTNGVKILWRQATGNSVNTFDNAYTSV
LTVAPTLESSL TGSGPTGYAVPAGTPFGNEDFRAYNVDFVNDYAPYSAGPALAISISYANAGFYFCG
FYSYQDTVYIGKLG NAYFYDSIIAGQTDFLYGFGTAWIQSSQLSLRSCGGGITAWKGTNTSFPNAYG
VYIHDSVVEKANASLSIAGL CALGRPWN AQHRSIFANTWLD DSIKPSGYI I IWGSTDPR
TNNYTFMAEYEDFGPGWNETGRR AANITKVLTEAEYEP YDSLEKVFQY PFSG EFGNVGWID
ESPEA*

ES 2 674 922 T3

SEQ ID NO: 49
LONGITUD: 1330 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

```
TCAGGCTCGTATGCCTTGTCCTTCATTTGCTTGCACTCTAGGGCTGGCTAAGACCTCCTTACTTGAATAATGT
ATCTCTCTACGTCCGCCTTTATAGTCTGCCTGGCGGCTCCAAAACCCCTGAGCCTCACAAACATTCATTGCTT
AACC
ATGCATAGTTCTTCCATCCTTTTTAGCCTTTTTCGGCTCCGCACTCGCTCTGACATCTCCACCGCCAGGAGCGC
TGACTGTTGGAGGCTCTGAGGGAAAATTCTCCACCGTTCAAGCTGCGGTTGACGCTCTCCAGAACACCACTGC
TCGGCAATCCATATTCATCTACTCCGGCACTTACGAGGAGCAGGTGTATATCGCCAAACACAATGGCCCCATT
TCCATTTATGGACAAGCCTCGGATGACAGCTCATAACACCAATACTGTCACTCTCTCTTTTCGGCCTCAGCC
AGGCTTCAACCTTAGCAACGACCTCACGGCCACCCCTCCGCGCTCACTCTCCCGATTTCAACTTGTACAACGT
GAATGTGGAGAACACCTACGGCAAAGGGAGCCAGGCCGTGCTGTCTCGGCCTACGGTACCGAGCAGGCATAC
TACGGCTGCAAGCTCACGGCTTCCAAGACACCCCTCCACCCAGAGAGGCAGGCCTACTTCGTAAACACCT
ACATTGAAGGTAAGGAGGTCTTTCTCAAGCTGCGGAAAGCGCGGTCTCTGACGGACATGCACAGGCGCCACCG
ACTTCATTTTCGGCCAGTATTCGCGGCCCTGGTTTGAGAACTGCGACCTGCGCGTCCCCGCGCCAAGCAGGG
ATGGGTCACCGCGAGCGGCCGCAACACGACCAACGACGGCTGGTATGTCATCAACGGAGGCAGCGTGCAAGCG
GCACCCGGCCAGAACGTAACCTGCCGGCGGTACTTCCGCGCGCGTGGCGCAGCTTCGCGCGCGCGCTCT
TCCAGAACGTCTACTTGAGCGAGGTCAACCCCTGCGGGCTGGGCCATCTGGTCCACGAGCACGCCAACAC
GGGCAACGTACGTTTCGCGGAGTACAACAACACCGGACCTGGTGCTTCCAACGGGACGCGGGCCAGCTTTTCG
CAGCAGCTGGCGGAGCCGGTGGACATCACGGAGGTCTAGGATCGAACTACACACTCTGGATTGATCCCAAGT
TCTTGTGAATAGCAAGCGGGTAGAAAAGCCGCGGTACGAACGCCTTTGCCGTAATTAGATAATCCCAGGAAGAC
GGAGAGAATGATTATCTTCTCCTCTAATGCGCCGTGGGACGACGGATCCGTGACTGAATAGTGAGAGCAAAAAG
TGCGCCTGCATG
```

SEQ ID NO: 50
LONGITUD: 975
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1) (975)

10

15

ES 2 674 922 T3

atgcatagttcttccatccttttcagccttttcggctccgcactcgtctgacatctcca
M H S S S I L F S L F G S A L A L T S P
ccgccaggagcgtgactgttgaggctctgagggaaaattctccaccgttcaagctgcg
P P G A L T V G G S E G K F S T V Q A A
gttgacgctctccagaacaccactgctcggcaatccatattcatctactccggcacttac
V D A L Q N T T A R Q S I F I Y S G T Y
gaggagcaggtgtatatcgccaaacacaatggccccatttccatttatggacaagcctcg
E E Q V Y I A K H N G P I S I Y G Q A S
gatgacagctcataccacaccaatactgtcactctctcttttcggcctcagccaggccttc
D D S S Y H T N T V T L S F G L S Q A F
aaccttagcaacgacctcagcgccaccctccgcgctcactctcccgatttcaacttgta
N L S N D L T A T L R A H S P D F N L Y
aacgtgaatgtggagaacacctacggcaaagggagccaggccgctcgtctcggcctac
N V N V E N T Y G K G S Q A V A V S A Y
ggtaccgagcaggcactactacggctgcaagctcagggctccaagacaccctcctcacc
G T E Q A Y Y G C K L T G F Q D T L L T
cagagaggcaggcactacttcgtaaacacctacattgaaggcggccaccgacttcattttc
Q R G R H Y F V N T Y I E G A T D F I F
ggccagtattccgcggcctggtttgagaactgacgctgcgctccccgcgccaagcag
G Q Y S A A W F E N C D L R V P A A K Q
ggatgggtcaccgagcggccgcaacacgaccaacgacggctggtatgtcatcaacgga
G W V T A S G R N T T N D G W Y V I N G
ggcagcgtgcaagcggcaccggccagaacgtaactgcccggcgtacttccctgggcccg
G S V Q A A P G Q N V T A G A Y F L G R
ccgtggcgcagcttcgcgcgcccgctctccagaacgtctacttgagcaggtcatcaac
P W R S F A R A V F Q N V Y L S E V I N
cctgcccggctgggcatctggtccacgagcagcccaacacgggcaacgtcacgttcgcg
P A G W A I W S T S T P N T G N V T F A
gagtacaacaacaccggacctggtgcttccaacgggacgcgggcccagcttttcgagcag
E Y N N T G P G A S N G T R A S F S Q Q
ctggcggagccggtggacatcacggaggtgctaggatcgaactacacactctggattgat
L A E P V D I T E V L G S N Y T L W I D
cccaagttcttgtga
P K F L -

5 SEQ ID NO: 51
LONGITUD: 324
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

MHSSSILFSLFSGALALTSPPPGALTVGGSEKGFSTVQAAVDALQNTTARQSIFIYSGTYEEQVYIAKHNGPI
SIYQASDDSSYHTNTVTLFGLSQAFNLSNDLTATLRAHSPDFNLYNVNVENTYGKGSQAVAVSAYGTEQAY
YGCKLTGFQDTHLLTQRGRHYFVNTYIEGATDFIFGQYSAWFENCNDRVPAKQGWVTASGRNTTNDGWYVIN
GGSVQAAPGNVTAGAYFLGRPNRSFARAVFQNVYLVSEVINPAGWAIWSTSTPNTGNVTFEYNNTGPGASNG
TRASFSQQLAEPVDITEVLGSNYTLWIDPKFL*

10 SEQ ID NO: 52
LONGITUD: 7706 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

GCTGCTTCTGAGCGGCTCCAAGAAGCCCTTTTACAACCTGCCAATTCATCTCCGCCGGCGATTAGGAATAT
 CCTCGTCCACCAGGTACCACGTTTCGTCTACAATTCGTACATCGAAGCGCGTCTAAGCTCATCTACAATACGCC
 TAACATGTACATTTACGGCTCAACTCTCACGCCTACGGCGAGCAACGCACCTTTGGTTTATAACAAGGGCGTG
 TCTTCTGGCACGGTGGTGACCACCAACTCCACCGTTGCTTCGACTCCTGCACCGTCACTCCGAAGCCGGGCA
 CCACTGTGACCGGTATTTCCCTTGGCCGAGCGAAGCGTGTGGGTCAATTTGGTCTATAGAAAACCCGCTCT
 GCCAGGCTTCAATCTCAGCACCGGTATTCACGTTGACGCCAAGACCCAGGCAGCACAGAATCTTACGGCGAG
 TTCCGGTAACACAGGTGCCGGATCTACTCTTCCAACCTCCGCCGAGGGGCTCCTACGTGAAGAGCTGAGCG
 TCGATCAGCTTTCTCAATCTCCGTTGATCAAGTGTTCGGCACCGCAAACACTAACTGGATCGACTCTTCAGT
 CATCTCCCTCGTCCAGGATTCGGATGCATCTCAAGCGGCAAAGGGCAGCCAGGCAGGTGTGGTGTACATACT
 ACTACGCTTCTCTTCAAGTACTACAAGTCTGTACTGTTCGAGCAGCTTGGTCACCGCATCGGGCAGCTCCG
 TGTCCACATCATCAAGCTCGGTGTCTCTACGCTTCAACCTCCGCCCTTCGCCAGTGACCGCCCTTCGCTTTC
 CAGCAGTGTGCTCTCGCTTCACTAGTACCTGGATCTTCTCCAACACTACAGTGACCACCAGCGGCACAGCA
 AGCTCAAGCTCTGTCACTGGTTCTCGTTCGCACTAGCTCGATCTCCTCCAGCGTGAGCACTCCGG
 GGGACACAGCGAGCTCCACCGCGCTGCGCTCAATTCGACTTCGAGTTGCGCTCTTCCCTTCTCAGTGCCAC
 CACTGCTCGCGTCTGGGTCGGGCTGGGCTCTGCGCCAACTACACCAGCATCGCCGATGCCGTCAAAAGACCTT
 TCTACGGATCAATCTAAGACGGAATATGTGTACATTCGCTGGCACCTATAACGAGCAGATCATTTTCAGCC
 GTGTAGGTCCACCGCTCTCCCGCGGAGACATCAAGCGAGCTCGATCAGTCCAGCAACAAAGTGACTATCAA
 GTCTTCTACTGGTGTGCCCTCCAGTAGCGGGGGATCTTCCAGTACCGCCCGGTTCCAGGCGACTCAGTACTAC
 AGCAAGAGTATCAGTTTCTATAACATCAATTCGAGAACACCTACGCTGCAGCTACGGGTACAATGCGGTTG
 CATTTGCCAGCAAGCTTTGAAGGCTTATTATTACAACCTGCGGGATCACTTCTCCTCAAGGAGCTCTGCTGCT
 CAACTTCGGCGCCCACTTCTTCTCGGGCTGCAAGATTACCGGTACCACCGACATCGTCTGGGGCCAAAGTGGC
 GCTTACATCTACAATTCGAAGATCGTTAGCACCCGAACCAGACTGGTCACTCTCTCCGCACAGTCTGACC
 AGTCACAATAACAATCCTTCGCAAGTTTGTCTTCGACACTTCGCTTTCGTCGCCAAGCAGACAGCCGTCGCCGA
 GCGAGCACGACTTGGGCCCGGACTATACAGCTTCGGCACGTGTGGCGGTGATCAACTCTTACCTGGACGCT
 CATATTACTCCTGTTGGATGGTTGATTGCGTCCAAGACTACGAACGTGACGTTTGGTTGAGGCCAGCAACTCCG
 GGCTTGGAGCGTGCACCGCATCTAGAGTTTCCAGATTGTGACCGATACGCTTCGCTACGCCGCCAACAACTG
 GCTCGGTTCTCTTTCGATCGACACCGCCGCTGTGCTCCTGTTGCTGCCCTCCCGGACAGCGTCTACGGTAGT
 CCTTTTTCCCCAGCTCTTCTACTGTCTTGGCCAACTCAACGACAGCGACTTCCGTTGCTGCTTCGACATCCA
 GCACCTCTGCTGCTGCACTGCGGCCAACACCCCTCATTGTCTCAACACCGCCTGCCTTGGCGAATACGGCAA
 CGTCACAGCAGCCATCGCCGCCCTTCCCAACGATAGCAAGGAGTACACCATCTACATCCGCGCCGGCACCTAC
 CAGGAGCAGTTACCATTGTGCGGAATGGCAAGGTCACACTGCGTGGCGAGACGGGTTCCCAACGACTTCT
 CGCAGAACAGGTCACCATCCAGTTCTCTTATGGTGTCTCACCAGCGCTGGCCAGAACGAGTTGACGCCCGT
 TATCAACGCCAAGAAGAACGATGGCTCCGGCTCGCGTTGTACAACATCAACTTCATCAACACGTACCCCGCAG
 ACGAAGAACACGGCTGGCTTGGCGGTGACTTCTACGGTACCAATATGGCTGCCATATGGCTGCAAGTTCGTCG
 GCTACCCAGGACACCCTCCTCGCCAACAAGGGCAOCCAAGTCTTTTCCAACAGCTACATTGAAGGCTCTATTGA
 CTATATCTGGGGTTTCTCGACGGCCCTACTTCCAACAGTGTACATCGCATCCAACACAGCTGGTGGCTACATT
 TCTGCCATGAGCCGCGCTTCGGCTTCGGCTACTGGAGGTTATGTCTTTGACAGCTGTATGTACCTACACGA
 GCACCTACGGATCGACCTTTGGCACCAAGCTTACCTCGGTCGCCGCTACTCGAGCTACAGCATCGCCGCTACAT
 GAACCTCGTTTCAATGACAAGCACATTAGCCCCGCGGTTGGGCTGTGTGGCAAACGAGTAACCCGACAGCGGAC
 AACGTCCTGTTTGGAGAGTTCAACAACACCCGGCCCCGGAAGCTGGTCCAGCTCTCGCGCGTCTTTTCGCGACGA
 ACTTGACCGAGTCCCAGGCGGATGCTTACAAGCTGTCTACTTGGATCGGCAGCAGCTGTGGCTTGACATGGA
 TGCTTACAACCTACGTGCCCTTCGTACGATATTTCCGGCGCAGCTGGTGCATCAACCACGACCCCTCCGGCTCA
 GCTTCTCTACCACTGCCACAGCCACTGCCACCTGGGCGCATCCCTCGAGTGGTGTACCCCACTATCGGTG
 CGTCTGGTGTCCGTTGGAGGCTCCGTCACCGGTCATACAGCAATCTTACCGCCGCCCTCGGCTCTCGCC
 ATCGGATAGCTCGACACAGGTCATCTTCAATGTAACCCGGAACCTACAACGAGCAGCCCGCGCGTAAACAGG
 CCGGCCCCATCCAGATCATCGGTGCTCAAGATGGCAATCCAGGCCAGAGCTACAAGACCAATAAAGTCATTC
 TGACCCAGTCTCGCGGCTTGTGGTCTCTCCGTTGCCGACCGGACACTCTGACGCTGAAACCGCAACATCTC
 CACTACCAGCAACAAAATGCCATGTACAACATCGACATCATCAACTCCGATAATCTTGACGGTTGCTTTCC
 TCTTACGTGACGCTGGCCGGCTCAATTTATGGCTCGCGCATTCGCTTCTATGGGTGACGCTTCAATGGCTGGC
 AGGATACGCTGTTGACTGGAAGCACAGTGGCTACCAGTACTACGAATCCTGTACATTGATGGCGCCATCGA

TTTCATCTGGGGCTACTCTAAGGCTTACTTCAAAGGCTGCACCATCGGGCCAAAAGGCAAAAGTCGGCCATC
ACGGCTCACAGCCGTGCTTCTCCAGCGCAGTCGGAGGCTACATCTTCGACCAGTGCCTGTTCACTGCTGCCT
CGTCTGCGACCGTTGACCTTAACGACGTCGTGTTTACCTCGGCCGCCCTTACAGCAAAGTACGCCCTCGTGGTGT
CAAGAACTCGTACCTGGACAAGACGATCCAGCCCTGCTGGTTGGAAGATCTGGTCTGCCAOCGACCCCGGTACC
GACTAGCTTACCTTCGCGGAGTTCACAACCTCCGGACCTGGTAACCTGGGAGAACAACGCCCGGGCCGTACCG
CTTTCGGCTACTGCACCCCTGTTGACGTTCGGACACGTAATCCCTATCTGCGCTCATGGACTCACCCCTCTGACTG
GATTGACATGACGTAATGGGACTCGATCACCACACCCGACAGTGGCCGCTGTTGCTACGGGAAACACCCTACG
GCGGTCAACGGTACTTCGGTCTATGATGGCACCACCCACCTGCCGGCGCATGATTGCTCCAAAGACGGCCA
TTGAGGGCGTGACGACGTACGATACCATCCAGAGCGCTCTGAATGCGCTGCCACTTCGAGCAGCAAGACCGG
CACCATCTTCACTACCCCGGTGTGTACTCGGAGCAGCTTGTGCTGAGCAAGTCTGGTACCACCGTGTTCATC
GGTACTCAAACCTCCACCGACGATTACCTGCAGAACCCAGGTGACGATCGACTTCAACAAGGGAATCGATAOCG
AAGCAGATGCTTCCAACTCTGACAGCGCTACTGTGTATGCCACAGGCAACTACTTCCAGGCATACAACATCAA
CTTCAAGAACTCTTTCGGCACAAACCGAGGACTACGCCCTCGCTCGGCTTCGGTGTCAAGTCCAGCAAGTACGCA
TCGCTGTATGGCTGCCAGGTCTGGGGCAATCAGGACTCGCTACTCATCAACGGCTACTTCTTCGCCCTCAACT
CGCTGATTGTGGTAAACATCGACATGATCTGGGGCTCCGGCGCGGGCTATTTCTCAGCTCAACCATCTCACC
CAACACCGACGACGTCAGCCTGACCGCCAGCAAGCGCGGACCAACACTACAGCTGCCCGGTTTTGCTTCGAC
CAGTGCACCGTTAAGCCCGCCCGCTTACCGGCCCTTACCGAGATCAGCCTCGGACGTCCGTGGAACAAC
TTGCCCGTGTGCGTATATCGAGACGTATCTCGATTCCAGCGTTGAGGCTGCAGGCTGGAGCCAGTGGTCCAA
GTCCAATCCACAGACCGAAGGAGTACTTTTGGCGAGTACGGGAATATGGACCAGGTGCAAGCACTTCGGGC
CGTGCAGAAATTTCCACGCGAGCTCTCGGCTGCGGATGCGGCCAGTTTCAAGTCCGCCAACTTCTTCGCGCTCA
CCTCCTGGATCAACTTCACGCGGATCGATGTCCAAACCTTCGTGGCCAGCGAGGTTGTTGTTCCAACTCGGC
GGTCACTTCGCTGCTCTCTCTTCCACCCCTTAGCACTCCGATCTCGTCTTCAACGCTTATACTGAGCAAC
CTCTTCCACTAAAGTCACTACCCGCAAGGAGACTCTTTCACAACCGTCACTGGCGCTGTTCCGACCCCTCA
CTTCAACGCAAGTATCACGCTGGACATGGGTGCCACCGTTACCCCGACCCAGTGTACAAGACCAGCACCGT
GAAGAGTACGACAACGATCATGAGACCGTATCGCAGCCGATGTACGCAGACGCTACTGTGGTCTGTCACC
AGCGATATCGGAACCAACAATCACACCGGAGCCGAGCAGATCACCACCTGTGCTCAAGCAGACGACTACTGTTT
TCGCCACCTCGACCAAGCGCCCGCAGACGATTACTGAGAAGAGTACCATTACTTCCAGCAGTTTGGCTACCCG
GACGCTCGATCCACTACTGCTCAACACTCAGCCTCGGATCTACCGTTTATGTGACCAGCGTTTTCAACCCGAA
GCCGCGCGGGTCACTCTAGTCTAACCTCACTACGGGCACTGGCGGCACGTCAACTAAGACGACCAAAAGCAA
CCACGACTTACGCTACTGCTACTTCTGTGAAAATGACAACGAAGAAATCCACAACAACCCCTCTCTGTGTGCC
CACCAGACGCTCCAAAGCGCTCTGTAACCCCTTAGGTCCCGCGCGCCGCGGTGACAGCGTCCACCACATCCACC
ATTTTCTCCACCCCTCTCACTACGCTCAAGACCTCTACAGCAACCTTAGCCCCGGCTCGACCGCCACGACCC
TTGTGTCGATCACCAGACCGTCCGCTCCACCACCACCCCTCAAGCCACCACCATCAGCGTCTCCACTGTCTC
CATCGCCACCAAGTCTCCACCCCTCACCCACCCGCGATCCACCTTCTTTCACAACCGTAAOCTCGACCAAACTC
ACCGGCAAAACACCTCGCTGAAAGCTCAACACTGACGGTGACATCCACCTCCCTTGCAGCCACCCGCACT
CCGTACCACCCCTCTCGCTGCGGGCGCCGCTACAACGACTTCTCTCGCCACCGTGACCGGAAATCGACGAT
AACGCTCCCGCGAGCACCCTGCTCAAAACATCTTCGCGGGACGCCACGAGCAGTGTAGTATCAGCGCGCG
CGGAGCAGGATACGGTGTGGAAGACGGCCACGATCAGCTGGCACCGGACGACAGTGGTGTGACAGCA
CAGTCTGCAAAAGACGACGGCAAGGTAACAAACGACCGTTCTTAGTACGATAACAAAGACGGCGAAAGGGGC
GGCGCGGTGTACAGAGGTATAAGTAAAGATTGGAAGAGAAGAGGGGGAATAGAGTTGAAAAATAAATAAAG
AGAATAAATAGTAGCGGGGTTTTATATAATTTATAAATTTTAAAGTAACTAGTACTTAATTATTAATTTCC
TAAAGCCGAATTTACACCTGCTCACTGCTGATGGACGATACGGGCTGTGTTCCACGATCTATAGTACATG
GAAAAGCAGAAAGTTGCAAAATTTATACTTACACGAAATATTTCCCGGAAAATCAGACACCTTAGTGTAT
TACAGTTGTGCAAGGTTCTATCTAAGTTGAACTCCTTTATCTACTGTGAGAAAGAGACTTGATAGACTTA
GGTATAATTTACAGAGAATAACAGCAATCAACATATTTGTAGCAGTAGAGCATTGCTTGCACAGGATAGGTTCA
ATTGCCCTTGAAGTTTCTAAGTCACTAGAGCTGCCCTCGTTCACTCAGAGTCTGTTCTTCTGGCGTTACGCGAA
TGACTGCTGGCATCCAAAATCGAGAATGAAGTGATTCCATATGTGAGGATGCAATGCGACCATTCAAATCGAAC
AGCGCCTCCGCACTCGCAGCCTGAGCGAGTTCCTCTCAATCGTGTGGATATAATCCCTTGTGCGACTGAATC
AAGTAAGGGGCATAAGCCCTGAGTAGCTCTCTTGTGTCCAGCCACAACAATGTGCGGGTTCAAAGCCCTCGATGC
GATCAATAGCATCAAGCCGCTCCCTGCGTTTGGCCGGGGCTTGGCTCCCGAAATGTGGATGACAATCGCC
GTAGATGATATCGCCAGACAAACGAGACGGACGGAAGGGACGTGGGGGAAGCTGGAAAATCTGTTGTGCGGTG
TGCCCCAATTCAAATCCGTGCCATTTATGGCCGTTTCGACGGAGAACTCCCCGACGCTGGAAGCGCCTTGGGC
ACTGGCTTGGCAGTATCGAGTGGCCGGGGAACATGCCAGGCCAGATGTGCTCGCAACTCGTATTGCATACGG
GATAATAACAAGTGCACACTCTTGGCGTGCAATATAACACTTTGCAACTTTCGCTAGCAAAAATACACACCTGT
TTTACTAAGAAATACGATCTTTTCTTAAATATCTCTACTACAACGCAAGTAAATATAAATAGCTAACTTAAAT
ATAGAAATTTAGGGTCTTCTTTAGGATTAGGAGGGTTAGGG

SEQ ID NO: 53
LONGITUD: 5895
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1).....(5895)

atgtacatttacggctcaactctcacgcctacggcgagcaacgcactcttggtttataac
 M Y I Y G S T L T P T A S N A L L V Y N
 aagggcgtgtcttctggcaocgggtggtgaccaccaactccacogttgtcttcgactcctgc
 K G V S S G T V V T T N S T V V F D S C
 accgtcactccgaagccgggcaccactgtgaccoggtatttcccttgccgcagcgaacogt
 T V T P K P G T T V T G I S L A A A N G
 gttgggtcaattgtgggtctatagaaactccgtcctgccaggcttcattctcagcaccogt
 V G S I V V Y R N S V L P G F I L S T G
 attcaogttgacgccaagaccagcagcacagaacttctacggcgagttcoggtaacaca
 I H V D A K T Q A A Q N F Y G E F G N T
 ggtgccgatcctactcttccaactccggccggaggcctcctacgtgaagagcctgagc
 G A G S Y S S N S A A R A S Y V K S L S
 gtcgatcagctttctcaattctcogttgatcaagtgttcggcaccgcaaacactaactgg
 V D Q L S Q F S V D Q V F G T A N T N W
 atogactcttcagtcactctccctcgtccaggttcoggtatcctcaagcggcaagggog
 I D S S V I S L V Q D S D A S Q A A K A
 accacggcaggtgtgggtgcatacactactaogtcttctccttcaagtaactacaogtct
 T T A G V V S Y T T T S S S S S T T S S
 gtactgtcggagcagcttgggtaccgcacogggcagctccogtgcacatcatcaagctcg
 V L S S S L V T A S G S S V S T S S S S
 gtgtogtctacgtcttcaacctccogcctctgccagtgacogccttgccttccagcagt
 V S S T S S T S A S A S D A P S L S S S
 gctgctctcogtctcatcagtacctggatcttctccaactacagtgaccaccagcggc
 A A L A S S V P G S S S N T T V T T S G
 acagcaogctcaagctctgtcactggttcctogttogcactgtccactagctcgatctcc
 T A S S S S V T G S S F A L S T S S I S
 tccagcgtgagcactccggggacacagcogagctccaccgocgtcogtctaattcogact
 S S V S T P G D T A S S T A A A S N S T
 tcoagttgcogctcttctcctcagtgcccaccactgctcogcgtogtgggtccggctggg
 S S C A L P S S V P T T A R V V G P A G
 tcttgcccaactacaccagcatcggcogtgccgtcaaagaccttctacggatcaatct
 S C A N Y T S I A D A V K D L S T D Q S
 aagacggaatatgtgtacattctcogctggcacctataccgagcagatcatttccagcogt
 K T E Y V Y I L A G T Y T E Q I I F S R
 gtaggctcccaccogtcttccogcggcgagacatcaagcogagctcogatcagtcacgcaacaaa
 V G P T V F R G E T S S E L D Q S S N K
 gtgactatcaogtcttctactgggtgcccctccagtagcgggggatcttccagtacccgc
 V T I K S S T G V P S S S G G S S S T A
 ccgttccagggcactcagtaactacagcaagatcagtttctataacatcaatttcogag

P F Q A T Q Y Y S K S I S F Y N I N F E
aacacctacgctgcagctacgggttacaatgcgggtgcattgtccagcaaagctttgaag
N T Y A A A T G Y N A V A L S S K A L K
gcctattattacaactgogggatcacttctctcaaggagctctgctgctcaacttcggc
A Y Y Y N C G I T S S Q G A L L L N F G
gcccacttctctcogggctgcaagattaccgggtaccacogacatcgtctggggccaaggt
A H F F S G C K I T G T T D I V W G Q G
ggcgcttacatctacaattcgaagatcgtagcaccggaaccacgactggtcagtctctc
G A Y I Y N S K I V S T G T T T G Q S L
tcogcacagctgaccagtcacaatacaatccttcgcagtttgccttcgacacttgcgct
S A Q S Y Q S Q Y N P S Q F V F D T C A
ttogtgccgaacgacagcaccgtgcccgaaggcagcagctacttgggcccgcactataca
F V P N D S T V P K A S T Y L G R D Y T
gcttcggcagctgttgcgggtgatcaactcttacctggacgctcatattactcctgttga
A S A R V A V I N S Y L D A H I T P V G
tggttgattgctccaagactacgaacgtgacgtttgttgaggccagcaactccgggct
W L I A S K T T N V T F V E A S N S G P
ggagcgtgcaccgcacatagagtttcccagattgtgaccgatacgtctgcctacgccc
G A S T A S R V S Q I V T D T S A Y A A
aacaacgtgctcgggtctcttctgatcgacaccgcgctgttgcctcctgttgcctc
N N V L G S L S I D T A A V A P V A A F
ccogcagcgtctacggtagtccctcttccccagctcttctactgtcttggccaactca
P D S V Y G S P L S P S S S T V L A N S
acgacagcagctccoggtcgtctcgttcgacatccagcacttctgctgctgcaactgoggc
T T A T S V S A S T S S T S A A A T A A
aacaccctcattgtctcaaccaagcctcctctggcgaatacggcaacgtcacagcagcc
N T L I V S T T P A S G E Y G N V T A A
atcgccgccccttcccaacgatagcaaggagtacaccatctacatccgcgcccgcacctac
I A A L P N D S K E Y T I Y I R A G T Y
caggagcagttcaccattgtcgggaatggcaaggtcacactgcgtggcgagacggcgttc
Q E Q F T I V R N G K V T L R G E T A F
cccaacgacttctcgcagaaccaggtcaccatccagttctcctatggtgttctcaccagc
P N D F S Q N Q V T I Q F S Y G V L T S
gctggccagaacgagttgacgcccgttatcaacgccaaagaacgagtggtccggcctc
A G Q N E L T P V I N A K K N D G S G L
gcgttgtaacaatcaacttcatcaacaogtaccgcagacgaagaacacggctgcgctt
A L Y N I N F I N T Y P Q T K N T A A L
gcggctgacttctacggtaaccaataggtgcctatggctgcaagttcgtcggctaccag
A A D F Y G T N M A A Y G C K F V G Y Q
gacaccctcctcgccaacaagggcaccacaagtctttccaacagctacattgaaggtct
D T L L A N K G T Q V F S N S Y I E G S
attgactatctcgggttctcgcagcgcctacttccaccagtgctacatgcacatccaac
I D Y I W G F S T A Y F H Q C Y I A S N
acagctggtggctacatttctgccatgagccgcgcttgcgcttcggctactggaggttat
T A G G Y I S A M S R A S A S A T G G Y
gtctttgacagctgctatgtcacctacacgagcacctacggatcgaccttggcaccagc
V F D S C Y V T Y T S T Y G S T F G T S
tacctcggctcggcgtactcgcagctacagcatcgcgctctacatgaactcgttcattgac
Y L G R P Y S S Y S I A V Y M N S F I D
aagcacattagccccgcgggttgggctgtgtggcaaacgagtaacccgcagacggacaac
K H I S P A G W A V W Q T S N P Q T D N

gtctgtttggagagttaacaacacccggcccgggaagctgggtccagctctcggcgtct
 V L F G E F N N T G P G S W S S S R A S
 ttcgcgacgaacttgaccgagtcaccaggcggatgcttacaagctgtctacttggatcggc
 F A T N L T E S Q A D A Y K L S T W I G
 agcacgtcgtggcttgacatggatgcttacaactacgtgccttcgtacgatatttccggc
 S T S W L D M D A Y N Y V P S Y D I S G
 gcagctgggtgatcaaccacgacccctcggcgtcagcttccctaccactgccacagcc
 A A G A S T T T P S A S A S S T T A T A
 actgccacctggggcgcacccctcagtggtgctacccacctatcgggtgccgtcctggtg
 T A T W A H P S S G A T P P I G A V L V
 tccgttggaggctccgtcaacgggtcatacagcaatcttaccgcccctcggcgtctctg
 S V G G S V N G S Y S N L T A A L A S L
 ccatcggatagctcgacacaggtcatcttcatgtaccccggaacctacaacgagcagcc
 P S D S S T Q V I F M Y P G T Y N E Q P
 ccggcgtaaacagcccccggccatccagatcatcgggtcctcaagatggcaatccagcc
 P A V N R P G P I Q I I G A Q D G N P G
 cagagctacaagacaaataaagtcatctcgtaccagctctcggcgttctcggctctccg
 Q S Y K T N K V I L T Q S R G L S V S P
 ttgcccagcggactcgtacgctgaaacggcaacatttccactaccagcaacaaaatt
 L P T G H S D A E T A T F S T T S N K I
 gccatgtacaacatcgacatcatcaactccgataatcttgacgggttcgcttccctcttac
 A M Y N I D I I N S D N L D G S L S S Y
 gtgacgtggcggctcaatttatggctcggcattgcttctatgggtgcagcttcatt
 V T L A G S I Y G S R I A F Y G C S F I
 ggctggcaggatagctgttgactggaagcaccagtggtaccagtactaogaatcctgc
 G W Q D T L L T G S T S G Y Q Y Y E S C
 tacattgatggcggcactcgttcatctggggctactcctaaggcttacttcaaggctgc
 Y I D G A I D F I W G Y S K A Y F K G C
 accatcggcggcaaaagtgcaaaagtcggccatcacggctcacagccgtctcctccagc
 T I G A K R Q K S A I T A H S R A S S S
 gcagtcggaggctacatcttcgaccagtgctgttcaactgctgctcgtcgtcggcgggtt
 A V G G Y I F D Q C L F T A A S S A T V
 gaccttacggcagctctgtttacctcggcggcccttacagcaagtacgcccctcgtggttgtc
 D L T Q S V Y L G R P Y S K Y A L V V V
 aagaactcgtaccctggacaagacgacccagctcgtggttggaaagatcggctcgtccacc
 K N S Y L D K T I Q P A G W K I W S A T
 gaccggcgtaccgactacgttaccctcggcggagttcaacaactcgggacctgtaactgg
 D P R T D Y V T F A E F N N S G P G N W
 gagaacaacggcggcggcgtaccgcttccggctactgcaccctgttgacgtcggacacg
 E N N A A A R T A F G Y C T L L T S D T
 tactccctatctcggcgtcgtcactcaccctcgtgactggattgacatgacgtactgggac
 Y S L S A V M D S P S D W I D M T Y W D
 tcgatcaccacaccgacagtgccggctgttgcacgggaaacaccactacggcgggtcaac
 S I T T P T V A A V A T G N T T T A V N
 ggtactcggctctatgatggcaccacccaccctgcccggcgttggattgtctccaagacg
 G T S V Y D G T T P P A G A L I V S K T
 gccattgagggcgtgacgacgtacgataccatccagagcgtctgaatgctcgtcctact
 A I E G V T T Y D T I Q S A L N A L P T
 tcgagcagcaagaccggcaccatcttcatctacccgggtgtgactcggagcagcttgg
 S S S K T G T I F I Y P G V Y S E Q L V
 ctgagcaagtctggtaccaccgtgttcatcggctactcaaacctccaccgacgattacctg

 L S K S G T T V F I G Y S N S T D D Y L
 cagaaccaggtgacgatcgaacttcaacaagggaaatcgatacgaagcagatgcttccaac
 Q N Q V T I D F N K G I D T Q A D A S N
 tctgacagcgtactgtgtatgccacaggcaactacttccaggcatacaacatcaacttc
 S D S A T V Y A T G N Y F Q A Y N I N F
 aagaactcttccggcacaacggaggactacgcccctcgtcggcttccgggtcaagtccagc
 K N S F G T T E D Y A S L G F G V K S S
 aagtacgatcgtgtatggctgccaggtctggggcaatcaggactcgtactcatcaac
 K Y A S L Y G C Q V W G N Q D S L L I N

ggctacttcttcgacctcaactcgctgattgtcggtaacatcgacatgatctggggctcc
 G Y F F A F N S L I V G N I D M I W G S
 ggcggggtatcttctcagctcaaacatctcaccacaacacggacgacgtcagcctgacc
 G A G Y F L S S T I S P N T D D V S L T
 gccagcaagcgcgaccacaactacagctgcccgttttgtcttcgaccagtgaccggtt
 A S K R A T N T T A A G F V F D Q C T V
 aagccccccccggtagcggcccttcaccgagatcagcctcggagcgtccgtggaacaac
 K P A P G T G P F T E I S L G R P W N N
 cttgccccgtgctgatatcgagacgtatctcgattccagcgttgaggctgcaggctgg
 L A R V A Y I E T Y L D S S V E A A G W
 agccagtggtccaagtccaatccacagaccgaaggagtgacttttgccgagtacgggaac
 S Q W S K S N P Q T E G V T F A E Y G N
 tatggaccgggtgcaagcacttcgggcccgtgogaattttccacgacgtctcggctgcc
 Y G P G A S T S G R A K F S T Q L S A A
 gatgcccggcatttcagctgccaacttcttcgcccgtcacctcctggatcaactcaog
 D A A Q F Q L A N F F A V T S W I N F T
 cggatcgatgtccaacccttcgtggccagcaggttggttgtccaacctcggcggtcact
 R I D V Q P F V A S E V V V P T S A V T
 tctgtctctctctctcttccacccttagcactcogatctcgtcttcaacgcttatactg
 S S V L L S S T L S T P I S S S T L I L
 agcaccctcttctcactaaagtcactaccgacaaggagactctcttcacaaccgtcact
 S T L F L T K V T T D K E T L F T T V T
 ggcgctgttcgaccctcacttcaacgcagactatcacgctggacatgggtgccaccggtt
 G A V P T L T S T Q T I T L D M G A T V
 acccccgaccagtgtaagaccagcaccggaagagtacgacaacgatcattgagacc
 T P D P V Y K T S T V K S T T T I I E T
 gtatcgacccgatgtaacgcagacgtctactgtggtcgtcaccagcogatatcggaacc
 V S Q P D V T Q T S T V V V T S D I G T
 acaatcacaccggagccgacacgatcaccactgtgctcaagcagacgactactgttttc
 T I T P E P S T I T T V L K Q T T T V F
 gccacctcgaccaaggcgccccagacgattactgagaagagtaccattacttcgacgagt
 A T S T K A P Q T I T E K S T I T S T S
 ttggctaccggacgctcgatcccattacgtcaacactcagcctcggatctaccgtttat
 L A T R T L D P I T S T L S L G S T V Y
 gtgaccagcgttttcaccocgaaggccgcccgggtcacctctagtctaaccatcactacg
 V T S V F T P K A A R V T S S L T I T T
 ggcactggcgacgtcaactaagacgacaaagcaaccaagacttacgtcactgtcact
 G T G G T S T K T T K A T T T Y V T V T
 tctatgatatcgccagagacaacgagacggacggaagggacgtgggggaagctggaaaac
 S M I S P E T T R R T E G T W G K L E N
 tegtgtcggtgtgcccacttcaattccggtgccatttatggccgttcgacggagaactc

S L S V C P T S I P C H L W P F D G E L
 ccccgacgctggaagccttgggactgcttggcagtatcgagctggccggggaacat
 P R R W K R L G H W L G S I E L A G E H
 gccagggcagatgtgctcgcaactcgtattgcatacgggataatacaacgtgcacactct
 A R P D V L A T R I A Y G I I Q R A H S
 tggcgtgcaatataa
 W R A I -

SEQ ID NO: 54
 LONGITUD: 1964
 TIPO: PRT
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

MYIYGSTLPTASNALLVYNKGVSSGTVVTTNSTVVFDSCTVTPKPGTTVTGISLAAANGVGSIVVYRNSVLP
 GFILSTGIHVDAKTQAAQNFYGEFGNTGAGSYSSNSAARASVYKSLSDVQLSQFSDVQVFGTANTNWDSSVI
 SLVQSDASQAAKATTAGVVSYYTTTTSSSSSTSSVLSLSSLVTAGSSVSTSSSSVSSSTSSASASDAPSLSS
 SAALASSVPGSSSNTTVTTSGTASSSSVTGSSFALSTSSISSVSTPGDTASSTAAASNSTSSCALPSSVPTT
 ARVVGPAAGSCANYTSIADAVKDLSTQSKTEVYVILAGTYTEQIIFSRVGPVFRGETSSELQSSNKVTIKS
 STGVFSSSSGSSSTAPFQATQYYSKSISFYNFENTYAAATGYNAVALSSKALKAYYNCGITSSQGALLN
 FGAHFFSGCKITGTTDIVWQGGAYIYNSKIVSTGTTTGGQLSAQSYQSQYNPSQFVFDTCAPVNDSTVPKA
 STYLRDYTASARVAVINSYLDHAITPVGWLIAASKTTNVTPEASNSGPGASTASRVSQIVTDTSAYAANNVL
 GSLSIDTAAAVAFVAAFPDSVYGSPLSPSSSTVLANSTTATSVSASTSSTSAATAANTLIVSTTPASGEYGNV
 TAAIAALPNDKEYTIIYIRAGTYQEFTIVRNGKVTLRGETAFPNDFSQNQVTTIQFSYGVLTSAQONELTPVI
 NAKKNDGSSLALYNINFINTYPTKNTAALADFYGTNMAAYGCKFVGYQDTLLANKGTQVFSNSYIEGSDY
 IWGFSTAYFHCYIASNTAGGYISAMSRASASATGGYVFDSCYVYTTSTYGSTPGTSLGRPYSSYSIAVYMN
 SFIDKHIPAGWAVWQTSNPQTDNVLPGEFNTGPGSWSSSRASFATNLTESQADAYKLTSTWIGSTSWLMDA
 YNYVPSYDISGAAGASTTTPSASASSTTATATATWAHPSSGATPPIGAVLVSVGGSVNGSYSNLTAALASLPS
 DSSTQVIFMYPGTYNEQPPAVNRPGPIQIIGAQDGNPGQSYKTNKVLITQSRGLSVSPLPTGHSDAETATFST
 TSNKIAMYNIIDIINSDNLGSLSSYVTLGASIIYGSRIAFYGCSPFIGWQDTLLTGSTSGYQYYECSYIDGAIDF
 IWGYSKAYFKGCTIGAKRQKSAITAHSRASSAVGGYIFDQCLFTAASSATVDLTQSVYLGRPYSKYALVVVK
 NSYLDKTIQAPAGWKIWSATDPRDYVTFAEFNSGPGNWEENNAARTAFGYCTLLTSDTYSLSAVMDSPSDWI
 DMTYWDSTITTPVAAVATGNTTAVNGTSVYDGTTPPAGALIVSKTAIEGVTTTYDTIQSALNALPTSSSKTGT
 IFIYPGVYSEQLVLSKSGTTVFIGYSNSTDDYLQNQVTIDFNKGIQDQADASNSDSATVYATGNYFQAYNINF
 KNSFGTTEDYASLGFVGVKSKYASLYGCCQVWGNQDSLILINGYFFAFNSLIVGNIDMINGSAGYFLSSTISPN
 TDDVSLTASKRATNTTAAQVFDQCTVVPAPGTGPFTEISLGRPNLAVVAYIETYLDSSVEAAGWSQWSKS
 NPQTEGVTFAEYGNYPGASTSGRAKFTSTQLSAADAQFQLANFFAVTSWINFRIDVQPFVASEVVPTSAV
 TSSVLLSSTLSTPISSTLILSTLFLTKVTTDKETLFTTGTGAVPTLSTQTIITLDMGATVTPDPVYKSTVK
 STTTIIEVTSQPDVQTSTVVTSDIGTTITPEPSTITTVLKQTTTTFATSTKAPQITITEKSTIITSTSLART
 LDPITSTLSLSTVVTSVPTPKAARVTSSTLITTTGGTSTKTKATTTVVTSMISPEPTRRTEGTWGLK
 ENSLSVCPTSIPCHLWPFDELPRWRKRLGHWLGSIELAGEHARPDVLAIRIAYGIIQRAHSWRAI*

5 SEQ ID NO: 55
 LONGITUD: 1281 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

CACCGSTTGTGATCATTTACACCCTCAGCGAGCATTCACCGCCAGGCGCTCTTGTGAACACTGTCCAGTC
 CTTACACTCCTCCTTCCACCCGCTACCCGGCTTTTTCCTTTTGCCATTCCAATTGCGTGAACCGTCCATCA
 CAGCATGCCTCGCCTCGCCAGCCTCCTCGCCCTTGCAAGCCAGTGCTTGCCTGACCTCCCTCCGTCAGGC
 GCCCTCACCGTCGGCTCCAGCGGCAAGTACTCGACCATCCAGGACCGCGTCGACGCGCTCAGCACCAGCTCCT
 CGTCGGCCAGACCTCTCATCTACAGGGCACTACAAGGAACAAGTCGTGATCCCGAAGCTATCGGGCGC
 CCTCACCATCTACGGCTACTCGAAGGATGGATCATCGTACAGCGCAACCCGTGACCATCAGCGGGGCAAG
 TCGCAGGCCGACGGCTCTCCAACGACGGCACCGCCACCTCGCCGTCCACAGGGCAACATCAAGGTCTACA
 ACATCAACGTGCGCAACAGTACGGCTCCGGCTCGCAGGCGTTCGCGTGTGCGCCTACGCCAGCGGCAACCA
 CGGCTACTACGGCGTCAAGCTCAAGGGCTTCCAAGACAGCTCCTGGCGCAGGAGGGCAACCAAGTCTACGCC
 AACTCGTACATCGAGGGCGCGACCGATTTTCAATTTTCGGCCAGAAGGCGTTCGCGTGGTTTGAGAACTGCGACC
 TGCGCATCGCCTCGGCTCGCTCGCTACGTGACGGCCAAAGGCGCGACAGCTCCAACCCATCTACTA
 CGTCATCAACAACCTCGACCCTCGCCGCGCCGACGGCGCCACCGTCAAGAGCGCGGGCATCTACCTCGGCCGC
 CCTTGGCGCAACTACGCCCGCGTCTTCCAGGAGACAGCCTGTCCAAACATCATCAACAGCGCCGGCTGGG
 TCCAATGGGGCAGCAGCGACCCACGCACCGACAATGTCAACTTCGCGGAGTACAAAACTCGGGCGCCGGCGC
 CTCTACCAGCGCGCTGCTAGCTTTTCCAAGCAGTTGAGCAGCCCCGTCAGCATCTCGGAAGTCTTGGGCAGC
 AACTACGCCGACTGGATCGACACCAGCTACTTCTAAACGCGTGAGGCTTCGCTAATGTGCGTTGGATCGGATG
 GAGGCGGGATGTAGCATGCAAGGAACCGGCAGGACTGTTTTAACTTTCTAATGTGGATATTTCTCTCTCGG
 ACAAATATAAAAATAAGCTTCTCGAGTGACTTTTGTATGA

10
 15 SEQ ID NO: 56
 LONGITUD: 981
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*
 NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
 UBICACIÓN: (1).....(981)

atgcctcgccctcgccagcctcctcgcccttgaagcccagtgcttgccctgacctcccct
 M P R L A S L L A L A S P V L A L T S P
 ccgtcaggcgccctcaccgtcggtccagcggcaagtactcgaccatccaggacgcgctc
 P S G A L T V G S S G K Y S T I Q D A V
 gacgcgctcagcaccagctcctcgctcgcccccagaccatcttcatctaccagggcacctac
 D A L S T S S S S A Q T I F I Y Q G T Y
 aaggaaacagtcgtgatccogaagctatcgggcgccctcaccatctacggctactcgaag
 K E Q V V I P K L S G A L T I Y G Y S K
 gatggatcatcgtaacagggcaacaccgtgaccatcagcgcgggcaagtgcgaggccgac
 D G S S Y S G N T V T I S A G K S Q A D
 ggccctctccaacgacggcaccgccaccctcgccgtccacacgggcaacatcaaggctac
 G L S N D G T A T L A V H T G N I K V Y
 aacatcaacgtcgccaacagctacggctccggctcgaggccgctcgctgctggcctac
 N I N V A N T Y G S G S Q A V A L S A Y
 gccagcggcaaccacgctactacggcgtcaagctcagggcctccaagacacgctcctg
 A S G N H G Y Y G V K L T G F Q D T L L
 gcgcaggagggaacaacagctacgccaactcgtaacatcgagggcgacccgatttcatt
 A Q E G K Q V Y A N S Y I E G A T D F I
 ttgcggcagaaggccgtcgctgggtttgagaactgcgacctgcgcatcgccctggcctcg
 F G Q K A V A W F E N C D L R I A S A S
 ctgggtacgtgacggccaacggccgcgacagcagctccaaccctcctactacgtcctc
 L G Y V T A N G R D S S S N P S Y Y V I
 aacaactcgaccgtcgccggccgacggcgccaccgtcaagagcggcggcatctacctc
 N N S T V A A A D G A T V K S G G I Y L
 ggccgccctggcgcaactacggccgctcgtcttccaggagaccagcctgtccaacatc
 G R P W R N Y A R V V F Q E T S L S N I
 atcaacagcggcggctgggtccaatggggcagcagcaccacgcaccgacaatgtcaac
 I N S A G W V Q W G S S D P R T D N V N
 ttgcgcgagtaaaaaactcgggcggcggcctctaccagcggcggctgctagctttcc
 F A E Y K N S G A G A S T S G R A S F S
 aagcagttgagcagcccgctcagcatctcggaagtcttgggcagcaactacggcggactgg
 K Q L S S P V S I S E V L G S N Y A D W

atcgacaccagctacttctaa
 I D T S Y F -

5 SEQ ID NO: 57
 LONGITUD: 326
 TIPO: PRT
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

MPRLASLLALASPVLA L T S P P S G A L T V G S S G K Y S T I Q D A V D A L S T S S S A Q T I F I Y Q G T Y K E Q V V I P K L S G A L
 T I Y G S K D G S S Y S G N T V T I S A G K S Q A D G L S N D G T A T L A V H T G N I K V Y N I N V A N T Y G S G S Q A V A L S A Y A S G N H G
 Y Y G V K L T G F Q D T L L A Q E G K Q V Y A N S Y I E G A T D F I F G Q K A V A W F E N C D L R I A S A S L G Y V T A N G R D S S S N P S Y Y V I
 I N N S T V A A A D G A T V K S G G I Y L G R P W R N Y A R V V F Q E T S L S N I I N S A G W V Q W G S S D P R T D N V N F A E Y K N S G A G A S T S G R A S F S
 T S G R A S F S K Q L S S P V S I S E V L G S N Y A D W I D T S Y F *

10 SEQ ID NO: 58
 LONGITUD: 1943 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
 TIPO: ADN
 ORGANISMO: *M. phaseolina*

CTATATTTCCATTTTTGGGAACGTACGGGTACGCCCTTCTGTGGGGCCCTTACTCCCGGAGGATTGCTGCGGG
ACTTGGAGAATGTATAAAGTACAGCAATCGAGTTGTCTGCGAGCTAGAGCGTTCTCCAGGCAGTGTCTAAACG
TTTCATGATGTTGTCTAACGTCACTCGTCGGCCCTTCTAGCTGCCGCCATGGAAAGCCTGTGCTGGCAGCGTTT
GGGCTCACAGACAATGGCGACAGTTACACCATTGATGCTGGCTCCACCAATCCCTGGTAATCACTGTCGACA
GTTCCAACTGCGACATCACCTCTTTCGTCTACCGGAGCCAGAAATACCAGTATGCCTCGAAAGGATCCCACAT
TAGCTCAGGCCTTGGCTCGGCTGATGTGACGGCAGAGACTATTGATGGTAAJAGCCTGAAGACTGTGATGCAAC
TTCCCATCCGCTGACCACCCGAGATGTAATCAAGGTCACTTGCACAACCGACACACTGATCCACTACTATGT
CGTCAAAATCCGGAGAGAGCAACGTCTACATGGCTACGTACACTTCAGCTGAGCCTTCAGTGGGAGAGCTGCGC
TACATCGCACGACTTGATCCCTCGCTGCTCCATATGAGTACCCCTTCGGCGAGCTCTCCACCACCGCGACA
GCACTTCGACAGTGGAAAGTTCTGACGCTTTCATCGTCGACGGAGAGACTCGCAGCAAATTTACTCCAGCCA
GCGCTTCATCGACGACGAGCTCCACTGCGTCTACAGCGACGAGCTCCACGCGTGCATGCTGATGCCCCAGTAC
GAGACCTCGTCCGGGGGGCGTTCCACCGAGACATCAACACCAACAACCGCGGACTCGACCAACCTGTACT
GGTACATGAACAGCGGACAGTGCAGACCAGGCTTCCGGATGGGCTCCACGGGCCCTACGCCCTCACGTG
GTCGCGCTCTGGCGTGCCAGTCTCAGCGGCTCGACTTCTCCTTCATGGCGGACTCGACTGGAAGGCTAC
GTGCGCCGACAGCGGGCGGCAACGTCTCGGGCACAGCATCCGGCGTCTCCAGCGACTATGAGGTCGTGGTGC
ACTGGTACAACGACGACGCGCAGTACTGGACGTACGCTCTTCGTCCGGCGCTTCACGTGCGCCGCCATGAA
GCCGGGACCTACACCATGGCCCTGTACCAGACCGAACTCAAAGTGGCCACGTCCTCGGTGACGGTCAAGGCC
GGATCGGCCACCAGCGCCAACATCGCCAGCACCTGGAGCTCCAATACCAGCTCTTCCAGATCGCGACTGGG
ACGGGCAGCCGACCGGCTTCCCTCAACGCGGCCAGCCAGCTGCGCATGCACCCGTCGACTCGCGCATGGCCGA
CTGGGGCCCGCTCACCTACACCGTCGGCTCGTCCCTCCGACAGCTCCGTCCCGATGGCGCTGTTCAAGGACGTC
AACGACCCGCTGACCATCAGCTTCACGCTGGCGTCTTCGAGGCCAGCGCGCGGCGACGCTGCGCGTCGGCA
CCACGCTGTCTGTCGCGGGCGGGGCGGAGCGTCAACGCTCAACGACTACAGCGACTCCGCGCGCGCGCCGAC
CAAGATCGACTCCCGGGCGGTGACCGCGGCGCGTATCGCGGTTACGGCGAGATCTACGACTTCGAGCTGCCG
GACGGGACGCTGTCGACGAGCAATACGATCACCATTTTGGGTGATTTCCGGGAGCAGTGGGGCGGATTTCTGG
AGCCGAATTTTGTGAGTCTCGCATTCCTCTTGGCCACTAGCATGTTTGAGAGGAATGTGACGCTGACGGTGT
GACAGATCCTTGATGCTATTGAGCTGTGGAGATAGGGTTGATAGGTCTGCGGAGCTGTGTGGATGGTTTCGC
GGGTCTGGGATCTTGATTGGTTGTTGGGATGGTATGCAGCAAAGA

SEQ ID NO: 59
LONGITUD: 1593
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
UBICACIÓN: (1).....(1593)

5

atgatgtgtctaacgtcatcgctggcctctagctgcccctatgaaagcctgtgctg
M M L S N V I V G L L A A A Y G K P V L
gcagcgtttgggtcacagacaatggcgacagttacaccattgatgctggctccaccaat
A A F G L T D N G D S Y T I D A G S T N
cccttggtaatcactgtcgacagttccaactgacacatcacctcttctgctaccggagc
P L V I T V D S S N C D I T S F V Y R S
cagaaataccagtatgcctcgaaaggatcccacattagctcaggccttggtcggctgat
Q K Y Q Y A S K G S H I S S G L G S A D
gtgacggcagagactattgatgatgaatcaaggctcacttgacacaaccgacacactgatc
V T A E T I D D V I K V T C T T D T L I
cactactatgtcgtcaaatccggagagagcaactgtctacatggctacgtacacttcagct
H Y Y V V K S G E S N V Y M A T Y T S A
gagccttcagtgaggagctgctcatcgacagacttgatccttctgctgcttccatat
E P S V G E L R Y I A R L D P S L L P Y
gagtacccttcggcgagctctccaccaccggcagacacttcgacagtggaaggttct
E Y P F G D V S T T A D S T S T V E G S
gaogtcttcatcgctgacagagactcgcagcaaatctactccagccagcgttcatc
D V F I V D G E T R S K F Y S S Q R F I
gaogcagcgtccactgctctacagcgaogcgtccacgctgcatgctgatgccccag
D D D V H C V Y S D D V H A C M L M P Q
taogagacctgctccggcggcggcctccaccgagacatcaacaccaacaacggcggcag
Y E T S S G G P F H R D I N T N N A G D
tcgaccaacctgtactgtatcatgaacagcggacacgtgcagaccggcctccggatg
S T N L Y W Y M N S G H V Q T E A F R M
ggcctccacggcctcagccctcagctggtcggctctggcgtgccagctcagcggc
G L H G P Y A L T W S R S G V P S L S G
ctogacttctccttcatggcggacctcgacctggaaggctacgtgcccagacagcgggccc
L D F S F M A D L D L E G Y V A D S G R
ggcaccgtctcgggcacagcatccggcgtctccagcactatgaggtcgtggtgactgg
G T V S G T A S G V S S D Y E V V V H W
tacaacgacagcgcagctactggacgtacgcctcttctgctccggccttccagctgccc
Y N D D A Q Y W T Y A S S S G A F T S P
gccatgaagcggggacctacaccatggccctgtaccagaccgaactcaaagtggccacg
A M K P G T Y T M A L Y Q T E L K V A T
tcctcgtgacgggtcaaggccggatcggccaccagcgaacatcgccagcactggagc
S S V T V K A G S A T S A N I A S T W S
tccaataccaagctcttccagatcggcactgggacggcagccagcggcttccctcaac
S N T T L F Q I G D W D G Q P T G F L N
gcgccagccagctcgcgatgcaccctccgactcgcgatggccgactggggccccctc
A A S Q L R M H P S D S R M A D W G P V
acctacaccgtcggctcgtcctccgacagctcogtccogatggcgtgttcaaggacgtc
T Y T V G S S S D S S V P M A L F K D V
aacgaccogctgaccatcagcttcaogctggcgtcttccagcggcagcggcggcggcagc
N D P L T I S F T L A S S Q A S G A A T
ctgcgctcggcaccacgtgtcgttccggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc
L R V G T T L S F A G G R P S V T V N D
tacagcactccggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc
Y S D S A A A P T K I D S R G V T R G A
tatcggggtacggcggatctacgacttcogactgcccggacggcggcggcggcggcggcggc
Y R G Y G E I Y D F E L P D G T L S T S
aatagatcaccatttcgggtgatttcggggagcagtgggggcgatttccctggagccgaat
N T I T I S V I S G S S G A D F L E P N
tttgtgagttctcgcattcctcttggccactag
F V S S R I P L G H -

SEQ ID NO: 60
LONGITUD: 530
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

MMLSNVIVGLLAAAYGKPVLAFLGLTDNGDSYTI DAGSTNPLVITVDSSNCDITSFVYRSQKYQYASKGSHIS
SGLGSADVTAETIDDDVIKVTCTD TLIHYYVVKSGESNVYMATYTS AEPVSGELRYIARLDPSLLPYEYPFGD
VSTTADSTSTVEGSDVFIVDGETRSKFYSSQRFIDDDVHCVYSDDVHACMLMPQYETSSGGPFHRDINTNAG
DSTNLYWYMNSGHVQTEAFRMLHGPYALTWSRSGVPSLSGLDFSMADLDLEGYVADSGRGTVSGTASGVSS
DYEVVVHWYNDDAQYWTYASSSGAFTSPAMKPGTYTMALYQTELKVATSSVTVKAGSATSANIASTWSSNTTL
FQIGDWDGQPTGFLNAASQLRMHPSDSRMADWGPVYTYTVGSSSDSSVPMALFKDVNDPLTISFTLASSQASGA
ATLRVGTTL SFAGGRPSVTVNDYSDSAAAPT KIDSRGVTRGAYRGYGEIYDFELPDGTLSTSNITITISVISGS
SGADFLEPNFVSSRIPLGH*

SEQ ID NO: 61
LONGITUD: 2009 (que incluye 150 bp 5' UTR y 150 bp 3' UTR)
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

TCGCTGATCGTCTTGATATGCGCCTGGCAGTGCATTCGCGCCGGGGACTACAAAAGCAGGGGACGCATGCCA
CAACAGAAATTGGCTTTTTCTTGTCACCTGACTTCCCTGCCGCTCCAAGTCCCCCCTCGCGTTTGAGGGAACCGC
CACAATGGCTCTCTTTGCTCTGTTTCTGACCTTATCTCTCTTTTCGCACCGTCGGTGCTGGCCGCCTTTGGA
GTGACTACATCCTCTCCAGCTATGTTGTGCGATGCCGGCTCATCCAACCCCTTCGTTGTTACCATTTTCGCGCA
GCAGTTGCGACATTACCTCGATCAAGTACCGTGGAGAGGAATTCAGTACTCCGGCAAGGGTTCGCACATCTC
GTCCGGCCTTGATCTGCGACCGTAACGTACAGAGATCGTCAGCAGTGAGCGTCTCTTGCAACCCGTCATACGC
CCCTCAGGCTAACAAATCGACAGGCACCTTATGCCAAGATCACCTGCACGGCTGGCAGCTTGACCCATTACATTA
TTGTCAAGTCCGGAGAGAGCTCTTTGTACATGGGCACCTACTTCACTGAGGAGCCCTCGATTGGTGAAGCCCG
TTTCATCGCTCGCTTGACCCGGCCAAGCTCCCTCTCGAATACCCCTACGGCACTGCCTCCACTACTGCTGGG
AGCAGCAGCACCGTCGAGGGATCCGACGTCTTTGTTGTGAATGGCCAGACCCGCAGCAAGTCTACTCTAGCC
AACGTTTCATCGACGACAAGGTGCAGTGCCTGTACC GCGATGATGATGCTGTCCACGCTTG CATGATCTTGCA
GCCTCTCTCCTACGAGGGATCCAGCGCGGTCCCTTCTTCAGGGACATCAACACCAACAACGCCGGTGACTCG
ACCAACCTGTACTTCTACATGAAC TCCAACCATGCTCAGACTGAGAGTTACCGTATGGGCTTCCACGGCCCGT
ACCAGTTGCAGTTCAGCCGCTCTGGTATTCCCAACAGCTTTGACGCTTCGTTCTTCGCCGACCTCAAGCTCTC
CGGCTACGTTGCTGAGTCTGCTCGTGGCTACGTCAAGGGTACTGCTTCTGGAGTTGGTAGCTCTTACCAGAAA
GTCCTTCATTGGTACAACAGCAACGCGCAGTACTGGGTCTATGCCTCGTCTAACGGTGCCTTTACTTCTCCTG
CCATGAAGCCTGGCACCTACACCCAGGTCTCTACCAGGACGAAC TCAAGTTGCCACCGACTCGGTCACTGT
CTCTGCTGGATCGACGGTACCAAGAACATTGCATCTACCTTCTCTTTCCCTTCGACCATCTGGACAATTGGC
GACTGGGACGGCCAGCCATTCGGCTTCCGCAACGCCGACAAGATCGAGCGCATGCACCCGTCCGACAGCCGCA
TGAGCAGCTGGGGGCCGTTGACCTACACGGTCCGCTCCAGCGCACTGACTGACGTTCCCATGGCGCTCTTCAA
GGGCGTCAACACGCCTTTACCATCAAGTTACGCTCTCCTCGTTCGACAGAGGTGCGGCGGTCTCCGGATC
GGCACGACTCTGGCCTTCGCCAGCGGCAGGCCGAGCCCAAGATCAACAGCTACAGCCCTTCGGCGCCGGCGG
CACCGACGAAGATCGATTTCGCGCGGCGTACACGTGGCACTTACCGCGGTTTGGGTGAGATCTACACCTTCGA
CATTCCCGCGGGCACTCTCGTGAGTGGCTCGAACACGATCACCATCGACTGCATCTCGGGAAGCTCGGGCGAC
ACCTACCTGTCTCCCAACTTTGTAAGTTTCGCTCTGCATACCTCCGCCATGCGCCGTGCTAACGCAAGAAACA
GATCCTTGACGCCATTGACCTGTACCTCAAGTGAGCGAGGGT CAGGAGAAGGGTGTAGCTGAGGTTGCTTCTC
TGTAATAAGTTTACGTCTACATTGAACATACATTTTGGCTTTGATTGCCGGTCTGCATTACTCGTCAATAC
GAAGCTTCGCGAGCGCGCAGCTCCACCGAATGCGTGGC

10 SEQ ID NO: 62
LONGITUD: 1605
TIPO: ADN
ORGANISMO: *M. phaseolina*
NOMBRE DE CARACTERÍSTICA/CLAVE: CDS
15 UBICACIÓN: (1).....(1605)

atggctctctttgctctgtttctgacctttatctctctttttcgaccgctcgggtgctggcc
M A L F A L F L T F I S L F A P S V L A
gcctttggagtgactacatcctcttccagctatggttgctgatgccggctcatccaacccc
A F G V T T S S S S Y V V D A G S S N P
ttcgttggtaccatthtcgcgagcagttgcgacattacctcgatcaagtaccgtggagag
F V V T I S R S S C D I T S I K Y R G E
gaattccagtaactcggcaagggttcgcacatctcgtccggccttgatctgagaccgta
E F Q Y S G K G S H I S S G L G S A T V
acgtcagagatcgtcagcagcacttatgccaagatcacctgcacggctggcagcttgacc
T S E I V S S T Y A K I T C T A G S L T
cattacattattgtcaagtccggagagagctctttgtacatgggcacttacttactgag
H Y I I V K S G E S S L Y M G T Y F T E
gagccctcgattggtgaagcccgtttcatcgctcgttggaccggccaagctccctctc
E P S I G E A R F I A R L D P A K L P L
gaatacccctacggcactgcctccactactgctgggagcagcagcaccgctcaggggatcc
E Y P Y G T A S T T A G S S S T V E G S
gacgtctttggtggaatggccagaccgcagcaagttctactctagccaacgtttcatc
D V F V V N G Q T R S K F Y S S Q R F I
gacgacaaggtgcagtgctgtaccgogatgatgatgctgtccacgcttgcagatcttg
D D K V Q C V Y R D D D A V H A C M I L
cagcctctctcctacgagggatccagcggcgtcccttcttcagggacatcaacaccaac
Q P L S Y E G S S G G P F F R D I N T N
aacgcccgtgactcgaccaacctgtacttctacatgaactccaacctatgctcagactgag
N A G D S T N L Y F Y M N S N H A Q T E
agttaccgtagggcttccacggcccgtaccagttgcagttcagccgctctggtattccc
S Y R M G F H G P Y Q L Q F S R S G I P
aacagctttgacgcttctgcttcttcgacacctcaagctctccggctacgcttgctgagtct
N S F D A S F F A D L K L S G Y V A E S
gctcgtggctacgtcaagggtactgcttctggagttggtagctcttaccagaaagtctt
A R G Y V K G T A S G V G S S Y Q K V L
cattggtacaacagcaacgcgcagtaactggtctatgctcgtctaacggtgcctttact
H W Y N S N A Q Y W V Y A S S N G A F T
tctcctgccatgaagcctggcacctacaccaggtcctctaccaggacgaactcaaggtt
S P A M K P G T Y T Q V L Y Q D E L K V
gccaccgactcggtaactgtctctgctggatcgacggtcaccaagaacattgcatctacc
A T D S V T V S A G S T V T K N I A S T
ttctctttcccttcgaccatctggacaattggcgactgggacggccagccattcggcttc
F S F P S T I W T I G D W D G Q P F G F
cgcaacgcccgaagatcgagcgcagcaccgctccgacagccgcatgagcagctggggg
R N A D K I E R M H P S D S R M S S W G
ccggtgacctacaggtcggctccagcgcactgactgacggtcccatggcgctcttcaag
P L T Y T V G S S A L T D V P M A L F K
ggcgtcaacacgcctttcaccatcaagttcacgctctcctcgtcgcagacaggtgcccggc
G V N T P F T I K F T L S S S Q T G A A

ES 2 674 922 T3

gtcctccggatcggcagcactctggccttcgccagcggcaggccgagcccaagatcaac
V L R I G T T L A F A S G R P Q P K I N
agctacagcccttcggcgccggcgccaccgacgaagatcgattcgcgcgcggtcacacgt
S Y S P S A P A A P T K I D S R G V T R
ggcacttaccgcggtttgggtgagatctacaccttcgacattcccggggcactctcgtg
G T Y R G L G E I Y T F D I P A G T L V
agtggctcgaacacgatcaccatcgactgcatctcgggaagctcgggacacacctacctg
S G S N T I T I D C I S G S S G D T Y L
tctcccaactttatccttgacgccattgacctgtacctcaagtga
S P N F I L D A I D L Y L K -

SEQ ID NO: 63
LONGITUD: 534
TIPO: PRT
ORGANISMO: *M. phaseolina*

5

MALFALFLTFISLFAPSVLAAFVTTSSSSYVVDAGSSNPFVVTISRSSCDITSIKYRGEEFQYSGKSHISS
GLGSATVTSEIVSSTYAKITCTAGSLTHYIIVKSGESSLYMGTYFTEEPSIGEARFIARLDPAKLPLEYPYGT
ASTTAGSSSTVEGSDVFFVNGQTRSKFYSSQRFIDDKVQCVRDDDAVHACMILQPLSYEGSSGGPFRDINT
NNAGDSTNLYFYMNSNHAQTESYRMGFHGPYQLQFSRSGIPNSFDASFFADLKLSGYVAESARGYVKG TASGV
GSSYQKVLHWYNSNAQYWVYASSNGAFTSPAMKPGTYTQVLYQDELKVATDSVTVSAGSTVTKNIASFSPS
TIWTIGDWDGQPFGRNADKIERMHPSDSRMSSWGPLTYTVGSSALTDVPMALFKGVNTPFTIKFTLSSSQTG
AAVLRIGTTLAFASGRPQPKINSYSPSAPAAPT KIDSRGVTRGTYRGLGEIYTFDIPAGTLVSGSNTITIDCI
SGSSGD TYLSPNFILD AIDL YLK*

REIVINDICACIONES

- 5 1. Una secuencia de polinucleótidos aislada que comprende una secuencia de nucleótidos que es al menos 80% idéntica a la secuencia de nucleótidos expuesta en SEQ ID No. 1 o 2, o el complemento de la misma, donde dicho polinucleótido codifica una pectato liasa.
- 10 2. Una sonda de ácido nucleico aislada que se hibrida en condiciones de rigurosidad media con una secuencia de polinucleótidos aislada que comprende una secuencia de nucleótidos expuesta en SEQ ID No. 1 o 2, o el complemento de la misma, donde dicho polinucleótido codifica una pectato liasa, y en el que dichas condiciones medias de rigurosidad incluyen la hibridación con ADN unido a filtro en cloruro de sodio/citrato de sodio (SSC) 6x a aproximadamente 45°C seguido de uno o más lavados en 0.2xSSC/0.1% de SDS a aproximadamente 50 a aproximadamente 65°C.
- 15 3. La secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1 o la sonda de ácido nucleico aislada de la reivindicación 2, que es ADN genómico.
- 20 4. La secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1 o la sonda de ácido nucleico aislada de la reivindicación 2, que es ADNc.
- 25 5. La secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1 o la sonda de ácido nucleico aislada de la reivindicación 2, que es ARN.
- 30 6. La secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1 o la sonda de ácido nucleico aislada de la reivindicación 2, que es de cadena sencilla.
- 35 7. Una molécula de ácido nucleico que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1 ininterrumpida por el codón de parada dentro de una secuencia codificante que codifica una proteína o péptido heteróloga.
- 40 8. Un vector recombinante que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1.
- 45 9. Una construcción de expresión que comprende la secuencia de polinucleótidos aislada de la reivindicación 1, en el que la secuencia de polinucleótidos está operativamente asociada con una secuencia de nucleótidos reguladora que contiene señales reguladoras transcripcionales o de traducción, o ambas, que controla la expresión de la secuencia de nucleótidos en una célula huésped.
- 50 10. Una célula hospedadora modificada genéticamente que comprende la secuencia de polinucleótido aislada de la reivindicación 1.
11. Un método para preparar un polipéptido que comprende las etapas de:
- i. cultivar una célula transformada con una construcción de expresión de la reivindicación 9 en condiciones efectivas para producir el polipéptido y
- ii. aislando el polipéptido.
12. Un polipéptido aislado que comprende una secuencia de aminoácidos que es idéntica al menos en un 80% a una secuencia de aminoácidos expuesta en la SEQ ID NO: 3 y muestra la actividad catalítica de la pectato liasa.
13. Una proteína quimérica que comprende un polipéptido de la reivindicación 12 fusionada a través de un enlace covalente a una secuencia de aminoácidos de un segundo polipéptido.
14. Una célula huésped, que comprende la construcción de expresión de la reivindicación 9.
15. Un hongo transgénico de *M. phaseolina*, que comprende la construcción de expresión de la reivindicación 9.

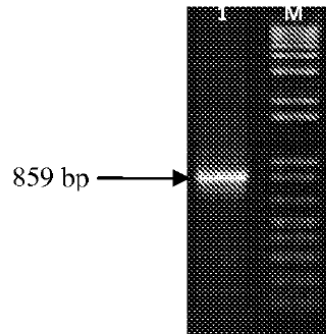


Figura 1

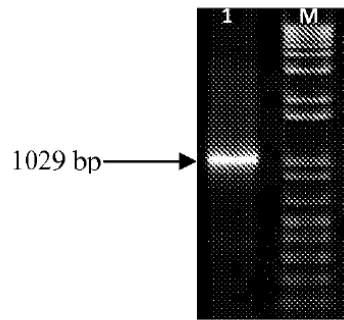


Figura 2

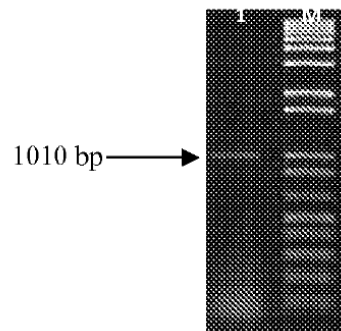


Figura 3

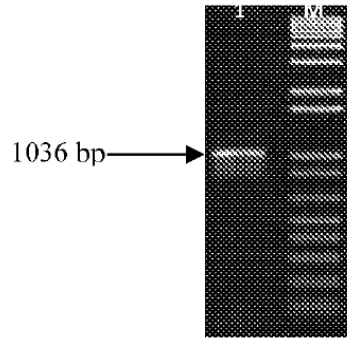


Figura 4

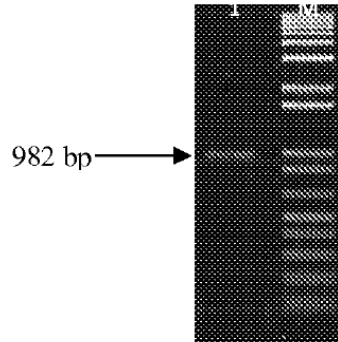


Figura 5

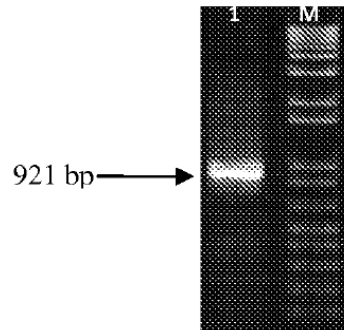


Figura 6

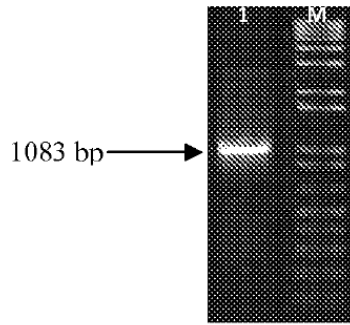


Figura 7

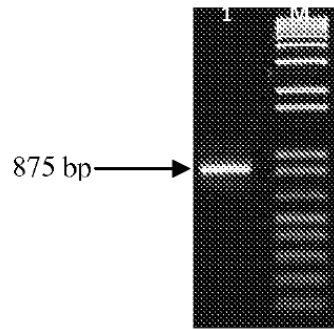


Figura 8

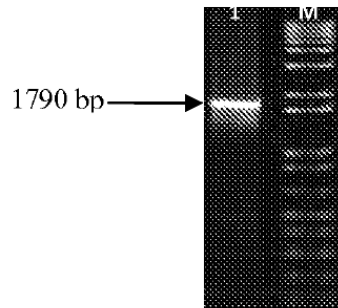


Figura 9

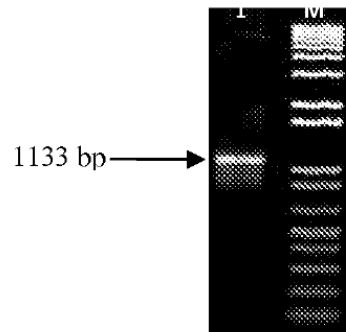


Figura 10

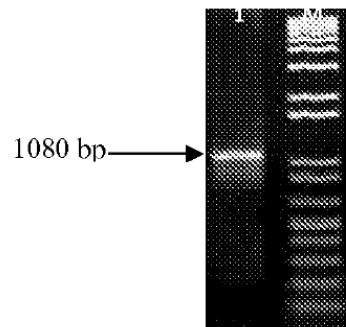


Figura 11

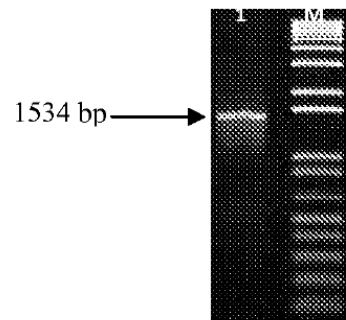


Figura 12

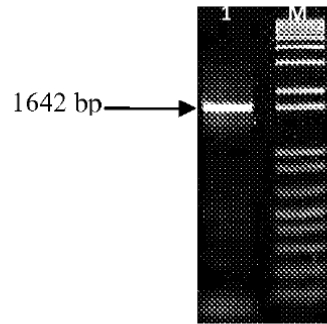


Figura 13

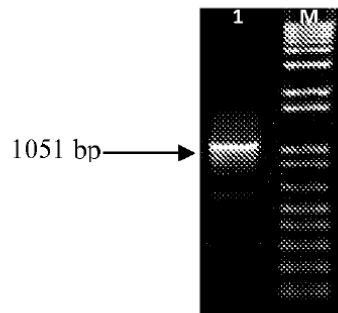


Figura 14

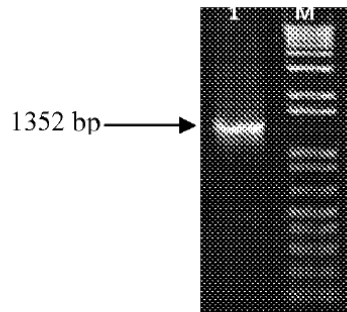


Figura 15

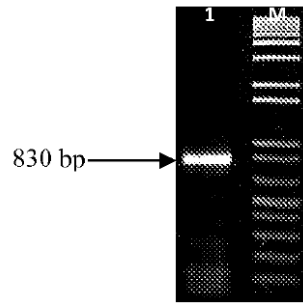


Figura 16

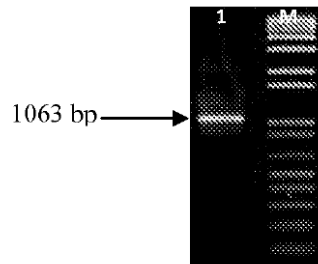


Figura 17

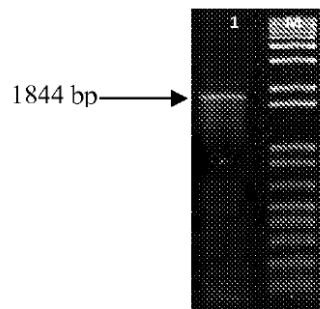


Figura 18

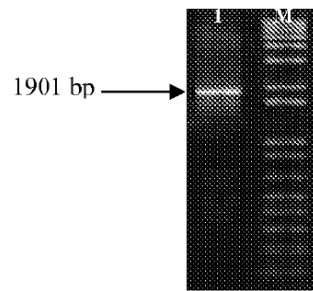


Figura 19