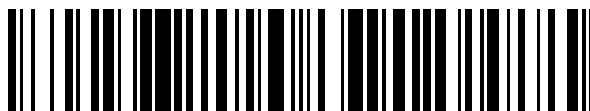


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 685 631**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C12N 15/87 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.07.2008** **E 15151271 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **30.05.2018** **EP 2910638**

54 Título: **Polinucleótidos, polipéptidos codificados por los mismos, y métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico y/o biomasa y/o rendimiento en plantas que los expresan**

30 Prioridad:

24.07.2007 US 935046 P

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

10.10.2018

73 Titular/es:

**EVOGENE LTD. (100.0%)
Gad Finstein Street 13
76121 Rechovot, IL**

72 Inventor/es:

**RONEN, GIL;
KARCHI, HAGAI;
DIBER, ALEX;
VINOCUR, BASIA JUDITH;
AYAL, SHARON;
EMMANUEL, EYAL;
GANG, MICHAEL y
DIMET, DOTAN**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

Observaciones:

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

ES 2 685 631 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

Polinucleótidos, polipéptidos codificados por los mismos, y métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico y/o biomasa y/o rendimiento en plantas que los expresan

Campo y antecedentes de la invención

- 5 La presente invención, en algunas realizaciones de la misma, se refiere a polipéptidos y polinucleótidos aislados, y más particularmente a un método de uso de los mismos para aumentar la tolerancia de una planta a estrés abiótico, crecimiento, biomasa, vigor y/o rendimiento de una planta.

10 Las condiciones de estrés abiótico (EAB; también denominado "estrés medioambiental"), tales como salinidad, sequía, inundación, temperatura inferior a la óptima y contaminación química tóxica, causan daño sustancial a las plantas agrícolas. La mayoría de las plantas han desarrollado estrategias para protegerse ellas mismas contra estas condiciones. Sin embargo, si la gravedad y la duración de las condiciones de estrés son demasiado grandes, son profundos los efectos sobre el desarrollo, crecimiento y rendimiento de la planta. Además, la mayoría de las plantas de cultivo son altamente susceptibles al EAB y así necesitan condiciones de crecimiento óptimas para rendimientos de cultivo comercial. La exposición continua al estrés causa alteraciones importantes en el metabolismo de las plantas que, por último lugar, conduce a muerte celular y, por consiguiente, a pérdida de rendimiento. Así, a pesar de la amplia investigación y amplias medidas fitoprotectoras, las pérdidas debido a las condiciones de estrés abiótico siguen en los billones de dólares anualmente.

20 La sequía es un fenómeno gradual, que implica periodos de tiempo anormalmente secos que perduran lo suficientemente como para producir graves desequilibrios hidrológicos tales como daño de cultivos y escasez de suministros de agua. En casos graves, la sequía puede durar muchos años y dar como resultado efectos devastadores sobre la agricultura y los suministros de agua. Con la población en crecimiento y la falta crónica de agua dulce disponible, la sequía es no solo el problema número uno relacionado con el tiempo en la agricultura, sino que también se clasifica como uno de los principales desastres naturales de todos los tiempos, que causa no solo daño económico (por ejemplo, las pérdidas por sequía en EE.UU de 1988 superaron los 40 billones de dólares), sino también la pérdida de vidas humanas, ya que en 1984-1985 la sequía en el cuerno de África condujo a una hambruna que mató a 750.000 personas. Además, la sequía está asociada con aumento de la susceptibilidad a diversas enfermedades.

25 Para la mayoría de las plantas de cultivo, las regiones terrestres del mundo son demasiado áridas. Además, la sobreutilización del agua disponible da como resultado una elevada pérdida de tierra agrícolamente utilizable (desertificación), y el aumento de la acumulación de sal en los suelos se añade a la pérdida de agua disponible en los suelos.

30 La salinidad, altos niveles de sales, afecta a una de cada cinco hectáreas de tierra regada. Se espera que esta condición solo empeore, reduciendo además la disponibilidad de tierra arable y la producción de los cultivos, puesto que ninguno de los cinco cultivos alimenticios principales, es decir, trigo, maíz, arroz, patatas y soja, puede tolerar excesiva sal. Los efectos perjudiciales de la sal sobre las plantas resultan de tanto un déficit de agua que conduce a estrés osmótico (similar al estrés por sequía), como al efecto de exceso de iones de sodio en los procesos bioquímicos críticos. Al igual que con la congelación y la sequía, alto contenido de sal causa déficit de agua; y la presencia de alto contenido de sal dificulta que las raíces de las plantas extraigan el agua de su entorno. La salinidad de los suelos es así una de las variables más importantes que determinan si se puede desarrollar o no una planta. En muchas partes del mundo, considerables áreas de tierra no son cultivables debido a la salinidad naturalmente alta de los suelos. Así, la salinización de los suelos que se usan para la producción agrícola es un problema significativo y en crecimiento en regiones que se basan principalmente en la agricultura, y se agrava por la sobreutilización, sobreutilización y escasez de agua, normalmente causado por el cambio climático y las exigencias de la población en aumento. La tolerancia a la sal es de particular importancia pronto en el ciclo vital de una planta, puesto que la evaporación de la superficie del suelo causa un movimiento ascendente del agua, y la sal se acumula en la capa superior del suelo donde se ponen las semillas. Por otra parte, la germinación tiene lugar normalmente a una concentración de sales que es superior al nivel medio de sales en el perfil completo del suelo.

40 La germinación de muchos cultivos es sensible a la temperatura. Un gen que potenciaría la germinación en condiciones cálidas sería útil para cultivos que se plantan al final de la estación o en climas cálidos. Además, las plantas de semillero y las plantas maduras que se exponen al exceso de calor pueden experimentar choque térmico, que puede surgir en diversos órganos, que incluyen hojas y particularmente el fruto, cuando la transpiración es insuficiente para vencer el estrés por calor. El calor también daña las estructuras celulares, que incluyen orgánulos y citoesqueleto, y altera la función de la membrana. El choque térmico puede producir una disminución en la síntesis global de proteínas, acompañado por expresión de proteínas de choque térmico, por ejemplo, chaperonas, que participan en el repliegamiento de proteínas desnaturalizadas por el calor.

55 El estrés por calor frecuentemente acompaña a condiciones de baja disponibilidad de agua. El propio calor se considera un estrés interactuante y se añade a los efectos perjudiciales causados por las condiciones de déficit de agua. La demanda de agua evaporativa presenta aumentos casi exponenciales con aumentos a las temperaturas diurnas y puede dar como resultado altas tasas de transpiración y bajos potenciales hídricos de las plantas. El daño

por alta temperatura al polen casi siempre ocurre conjuntamente con el estrés por sequía, y raramente ocurre en condiciones de buen riego. El estrés combinado puede alterar el metabolismo de las plantas de formas novedosas; por tanto, el entendimiento de la interacción entre los diferentes estreses puede ser importante para el desarrollo de estrategias para potenciar la tolerancia al estrés por manipulación genética.

- 5 Las condiciones de frío excesivo, por ejemplo, temperaturas bajas, pero por encima de la congelación, afectan los cultivos de orígenes tropicales, tales como soja, arroz, maíz y algodón. Los daños por frío típicos incluyen marchitamiento, necrosis, clorosis o fuga de iones de las membranas celulares. Los mecanismos subyacentes de la sensibilidad al frío no se entienden todavía completamente, pero probablemente implican el nivel de saturación de las membranas y otras deficiencias fisiológicas. Por ejemplo, la fotoinhibición de la fotosíntesis (interrupción de la
- 10 fotosíntesis debido a la alta intensidad de la luz) ocurre frecuentemente en condiciones atmosféricas claras posteriores a frías noches de finales del verano/otoño. Además, el frío puede conducir de pérdidas de rendimiento y menor calidad de los productos hasta maduración retardada del maíz.

- El déficit de agua es un componente común de muchos estreses de las plantas. El déficit de agua ocurre en células vegetales cuando la tasa de transpiración de la planta entera supera la captación de agua. Además de la sequía, otros
- 15 estreses, tales como salinidad y baja temperatura, producen deshidratación celular.

- La traducción de señales de estrés salino y por sequía consiste en vías de señalización de homeostasis iónica y osmótica. El aspecto iónico del estrés salino se señala mediante la vía SOS donde un complejo de proteína cinasa SOS3-SOS2 sensible al calcio controla la expresión y actividad de los transportadores de iones tales como SOS1. Los componentes osmóticos del estrés salino implican reacciones complejas de las plantas que se solapan con las
- 20 respuestas al estrés por sequía y/o por frío.

- Aspectos comunes de la respuesta al estrés por sequía, frío y salino [revisado en Xiong y Zhu (2002) *Plant Cell Environ.* 25: 131-139] incluyen: (a) cambios transitorios en los niveles de calcio citoplásmico al principio del evento de señalización [Knight, (2000) *Int. Rev. Cytol.* 195: 269-324; Sanders et al. (1999) *Cell Plant Cell* 11: 691-706]; (b) transducción de señales mediante proteínas cinasas activadas por mitógeno y/o dependientes de calcio (CDPK) y proteínas fosfatasa [Merlot et al. (2001) *Plant J.* 25: 295-303; Tahtiharju y Palva (2001) *Plant J.* 26: 461-470]; (c) aumento en los niveles de ácido abscísico en respuesta a estrés que desencadena un subconjunto de respuestas; (d) fosfatos de inositol como moléculas señal (al menos para un subconjunto de los cambios transcripcionales sensibles al estrés [Xiong et al. (2001) *Genes Dev.* 15: 1971-1984]; (e) activación de fosfolipasas que a su vez genera una matriz diversa de segundas moléculas de mensajero, algunas de las cuales podrían regular la actividad de las cinasas
- 25 sensibles al estrés [por ejemplo, fosfolipasa D; Frank et al. (2000) *Plant Cell* 12: 111-124]; (f) inducción de genes de tipo abundantes en la embriogénesis tardía (LEA) que incluyen los genes COR/RD sensibles a CRT/DRE; (g) elevados niveles de antioxidantes y osmolitos compatibles tales como prolina y azúcares solubles [Hasegawa et al. (2000) *Annu. Rev. Plant Mol. Plant Physiol.* 51: 463-499]; y (h) acumulación de especies reactivas de oxígeno tales como superóxido, peróxido de hidrógeno y radicales hidroxilo.
- 30

- 35 La biosíntesis de ácido abscísico se regula por el estrés osmótico en múltiples etapas. Tanto la señalización del estrés osmótico dependiente como independiente de ABA modifica primero los factores de transcripción constitutivamente expresados, que conduce a la expresión de activadores tempranos de la respuesta transcripcional, que entonces activan aguas abajo genes efectores de la tolerancia al estrés.

- Varios genes que aumentan tolerancia al estrés por frío o salino también pueden mejorar la protección del estrés por sequía, éstos incluyen, por ejemplo, el factor de transcripción AtCBF/DREB1, OsCDPK7 (Saijo et al. 2000, *Plant J.* 23: 319-327) o AVP1 (una bomba de protones de pirofosfatasa vacuolar, Gaxiola et al. 2001, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98: 11444-11449).
- 40

- El desarrollo de plantas tolerantes al estrés es una estrategia que tiene el potencial de resolver o mediar en al menos algunos de estos problemas. Sin embargo, las estrategias tradicionales de cultivos de plantas usadas para desarrollar
- 45 nuevas líneas de plantas que presentan tolerancia a EAB son relativamente ineficientes puesto que son engorrosas, requieren tiempo y son de resultado impredecible. Además, los limitados recursos de germoplasma para la tolerancia al estrés e incompatibilidad en cruces entre especies de plantas remotamente relacionadas representan problemas significativos encontrados en el cultivo convencional. Además, los procesos celulares que conducen a tolerancia a EAB son de naturaleza compleja e implican múltiples mecanismos de adaptación celular y numerosas vías metabólicas.
- 50

- Se han descrito en la técnica los esfuerzos de la ingeniería genética, que pretende conferir tolerancia al estrés abiótico a cultivos transgénicos. Estudios por Apse y Blumwald (*Curr Opin Biotechnol.* 13:146-150, 2002), Quesada et al. (*Plant Physiol.* 130:951-963, 2002), Holmström et al. (*Nature* 379: 683-684, 1996), Xu et al. (*Plant Physiol* 110: 249-257, 1996), Pilon-Smits y Ebbskamp (*Plant Physiol* 107: 125-130, 1995) y Tarczynski et al. (*Science* 259:508-510,1993) han intentado todos generar plantas tolerantes al estrés.
- 55

Además, varias patentes de EE.UU. y solicitudes de patente también describen polinucleótidos asociados a tolerancia al estrés y su uso en generar plantas tolerantes al estrés. Las patentes de EE.UU. N° 5.296.462 y 5.356.816 describen

plantas transformantes con polinucleótidos que codifican proteínas implicadas en la adaptación al frío en *Arabidopsis thaliana* para promover la tolerancia al frío.

La patente de EE.UU. N° 6.670.528 describe transformar plantas con polinucleótidos que codifican polipéptidos que se unen a elementos sensibles al estrés para promover la tolerancia al estrés abiótico.

- 5 La patente de EE.UU. N° 6.720.477 describe transformar plantas con un polinucleótido que codifica una proteína relacionada con el estrés a la transducción de señales, capaz de aumentar la tolerancia de las plantas transformadas al estrés abiótico.

Las solicitudes de EE.UU. N° de serie 09/938842 y 10/342224 describen genes relacionados con el estrés abiótico y su uso para conferir a las plantas tolerancia al estrés abiótico.

- 10 La solicitud de EE.UU. N° de serie 10/231035 describe expresar en exceso una sulfurasa de cofactor de molibdeno en plantas para aumentar la tolerancia al estrés abiótico.

El documento WO2004/104162 a Evogene Ltd. enseña secuencias de polinucleótidos y métodos de su utilización para aumentar la tolerancia de una planta a estreses abióticos y/o aumentar la biomasa de una planta.

- 15 El documento WO2007/020638 a Evogene Ltd. enseña secuencias de polinucleótidos y métodos de su utilización para aumentar la tolerancia de una planta a estreses abióticos y/o aumentar la biomasa, vigor y/o rendimiento de una planta.

El documento WO2007/049275 a Evogene Ltd. enseña polipéptidos aislados, polinucleótidos que los codifican para aumentar la tolerancia de una planta al estrés abiótico, y/o para aumentar la biomasa, vigor y/o rendimiento de una planta.

La técnica anterior adicional incluye las solicitudes de patente de EE.UU. N° 20060183137A1 A1 y 20030056249A1.

- 20 Las patentes de EE.UU. 2004/0123343 y 2006/0123505 desvelan vectores y plantas que comprenden secuencias y proteínas.

Compendio de la invención

- 25 Según un aspecto de la presente invención, se proporciona un método de aumento de la biomasa, tasa de crecimiento, rendimiento de semillas y/o tolerancia al estrés por salinidad de una planta según la reivindicación 1. Realizaciones adicionales son el objeto de las reivindicaciones dependientes.

Según un aspecto de la invención, la célula de planta forma una parte de una planta.

Según un aspecto de la invención, el estrés abiótico se selecciona del grupo que consiste en salinidad, sequía, privación de agua, baja temperatura, alta temperatura, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, deficiencia de nutrientes, exceso de nutrientes, contaminación atmosférica e irradiación UV.

- 30 Según un aspecto de la invención, el método comprende además cultivar la planta que expresa el polinucleótido exógeno bajo el estrés abiótico.

- 35 A menos que se defina de otro modo, todos los términos técnicos y/o científicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que comúnmente se entiende por un experto habitual en la técnica a la que se refiere la invención. Aunque se puede usar en la práctica o prueba de las realizaciones de la invención métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en el presente documento, a continuación se describen métodos y/o materiales a modo de ejemplo. En caso de conflicto, se antepondrá la memoria descriptiva de patente, que incluye definiciones. Además, los materiales, métodos, y ejemplos son ilustrativos solo y no se pretende que sean necesariamente limitantes.

- 40 Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona una construcción de ácidos nucleicos que comprende el polinucleótido aislado y un promotor para dirigir la transcripción de la secuencia de ácidos nucleicos.

Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona un polipéptido aislado, que comprende una secuencia de aminoácidos al menos 90% homóloga a la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

- 45 Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona un polipéptido aislado, que comprende una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona una célula de planta que comprende un polipéptido exógeno que comprende una secuencia de aminoácidos al menos 90% homóloga a la

secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

5 Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona una célula de planta que comprende un polipéptido exógeno que comprende una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

10 Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona una célula de planta que comprende un polinucleótido exógeno que comprende una secuencia de ácidos nucleicos al menos 90% homóloga a la secuencia de ácidos nucleicos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

15 Según un aspecto de algunas realizaciones de la presente invención, se proporciona una célula de planta que comprende un polinucleótido exógeno que comprende una secuencia de ácidos nucleicos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

20 Según algunas realizaciones de la invención, la secuencia de ácidos nucleicos se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

Según algunas realizaciones de la invención, el polinucleótido se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

25 Según algunas realizaciones de la invención, la secuencia de aminoácidos se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

Según algunas realizaciones de la invención, el polipéptido se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

Según algunas realizaciones de la invención, la célula de planta forma una parte de una planta.

30 Según algunas realizaciones de la invención, el estrés abiótico se selecciona del grupo que consiste en salinidad, sequía, privación de agua, baja temperatura, alta temperatura, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, deficiencia de nutrientes, exceso de nutrientes, contaminación atmosférica e irradiación UV.

Según algunas realizaciones de la invención, el método comprende además cultivar la planta que expresa el polinucleótido exógeno bajo el estrés abiótico.

35 A menos que se defina de otro modo, todos los términos técnicos y/o científicos usados en el presente documento tienen el mismo significado que comúnmente se entiende por un experto habitual en la técnica a la que se refiere la invención. Aunque se puede usar en la práctica o prueba de las realizaciones de la invención métodos y materiales similares o equivalentes a los descritos en el presente documento, a continuación se describen métodos y/o materiales a modo de ejemplo. En caso de conflicto, se antepondrá la memoria descriptiva de patente, que incluye definiciones.
40 Además, los materiales, métodos, y ejemplos son ilustrativos solo y no se pretende que sean necesariamente limitantes.

Breve descripción de los dibujos

45 Algunas realizaciones de la invención se describen en el presente documento, a modo de ejemplo solo, con referencia a los dibujos adjuntos. Con referencia específica ahora a los dibujos con detalle, se enfatiza que los datos mostrados son a modo de ejemplo y para fines de discusión ilustrativa de las realizaciones de la invención. A este respecto, la descripción tomada con los dibujos muestra a aquellos expertos en la materia cómo se pueden poner en práctica las realizaciones de la invención.

En los dibujos:

50 La FIG. 1 es una ilustración esquemática del plásmido binario pGI usado para expresar las secuencias de polinucleótidos aisladas de la invención. RB - límite derecho de T-ADN; LB - límite izquierdo de T-ADN; H - enzima de restricción *HindIII*; X - enzima de restricción *XbaI*; B - enzima de restricción *BamHI*; S - enzima de restricción *SalI*; Sm - enzima de restricción *SmaI*; R-I - enzima de restricción *EcoRI*; Sc - *SacI/SstI/Ecl136II*; (números) - longitud en pares de bases; pro NOS = promotor de nopalina sintasa; NPT-II = gen de neomicina fosfotransferasa; ter NOS = terminador de nopalina sintasa; señal poli-A (señal de poliadenilación); GUS-intrón - el gen indicador GUS (secuencia codificante

de intron) Las secuencias de polinucleótidos aisladas de la invención se clonaron en el vector mientras que se sustituía el gen indicador GUS-intrón.

Las FIGs. 2a-b son imágenes que representan la visualización del desarrollo de raíces de plantas cultivadas en placas de agar transparentes. Se cultivaron los diferentes transgenes en placas de agar transparentes durante 17 días y las placas se fotografiaron cada 2 días a partir del día 7. Figura 2a - Una imagen de una fotografía de plantas tomada tras 12 días en placas de agar. Figura 2b - Una imagen del análisis de raíces en el que la longitud de la raíz medida se representa por una flecha roja.

Descripción de realizaciones específicas de la invención

La presente invención, en algunas realizaciones de la misma, se refiere a polipéptidos aislados y polinucleótidos que los codifican, y más particularmente, pero no exclusivamente, a métodos de uso de los mismos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, tasa de crecimiento, rendimiento, biomasa y/o vigor de una planta.

Antes de explicar al menos una realización de la invención con detalle, se debe entender que la invención no se limita necesariamente en su aplicación a los detalles expuestos en la siguiente descripción ni se ejemplifica por los ejemplos. La invención es capaz de otras realizaciones o de ser puesta en práctica o llevada a cabo de diversas formas.

Aunque la invención se reduce a la práctica, los presentes inventores han identificado novedosos polipéptidos y polinucleótidos que se pueden usar para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, y mejorar la tasa de crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor de una planta.

Así, como se muestra en la sección de ejemplos que sigue, los presentes inventores han empleado un enfoque bioinformático que combina la agrupación y el ensamblaje de secuencias de bases de datos de los genomas de *Arabidopsis*, arroz y otros genomas de plantas disponible al público, marcas de secuencia expresada (abreviadamente en lo sucesivo EST por la expresión inglesa *Expressed Sequence Tags*), bases de datos de proteínas y vías e información de QTL (locus de carácter cuantitativo por la expresión inglesa *Quantitative Trait Locus*) con un perfil de expresión digital ("transferencia Northern electrónica") y polinucleótidos y polipéptidos identificados que pueden aumentar la tolerancia al estrés abiótico, y mejorar el crecimiento, biomasa, rendimiento y vigor (SEQ ID NO: 1-200 y 1653 para polinucleótidos; SEQ ID NO: 201-391 y 1655 para polipéptidos; Tabla 1, Ejemplo 1). Se identificaron supuestos ortólogos de TEAB de especies monocotiledóneas por alineamientos de secuencias de ortólogos y perfiles de expresión digitales (SEQ ID NO: 392-960, 1656-1659 para polinucleótidos; SEQ ID NO: 961-1529, 1660-1663 para polipéptidos; Tabla 2, Ejemplo 1). Como se describe además en las Tablas 3 y 4 de la sección de ejemplos que sigue, se clonaron polinucleótidos representativos (polinucleótido SEQ ID NO: 1530, 1538, 1532, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1561, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543 y 1668). Se prepararon polinucleótidos adicionales que tienen secuencias de ácidos nucleicos optimizadas (polinucleótido SEQ ID NO: 1531, 1539, 1533, 1550, 1558, 1562, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551 y 1545). Como se describe además en la sección de ejemplos que sigue, se generaron plantas transgénicas que expresan exógenamente los polinucleótidos clonados y/o optimizados de la invención. Como se muestra en las Tablas 5-76, estas plantas presentan elevado peso de plantas de semillero, cobertura radicular, longitud radicular y tasa de crecimiento relativa cuando se cultivan en condiciones de estrés osmótico (en presencia de PEG al 25%), deficiencia de nitrógeno (en presencia de nitrógeno 0,75 mM) o normales. Además, como se muestra en las Tablas 77-188, las plantas que expresan exógenamente los polinucleótidos de la invención presentan elevada área de roseta, diámetro de roseta, área promedio foliar, tasa relativa de crecimiento de la anterior, biomasa vegetal, rendimiento de semillas de planta, peso de 1000 semillas e índice de cosecha cuando se cultivan en condiciones de estrés por salinidad o normales. En conjunto, estos resultados sugieren el uso de los novedosos polinucleótidos y polipéptidos de la invención para aumentar la tolerancia al estrés abiótico, y mejorar la tasa de crecimiento, biomasa, vigor y/o rendimiento de una planta.

Así, según un aspecto de la invención, se proporciona un método de aumento de la tolerancia al estrés abiótico, tasa de crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor de una planta. El método se efectúa expresando dentro de la planta un polinucleótido exógeno que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos al menos 60% homóloga a la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

La expresión "estrés abiótico", como se usa en el presente documento, se refiere a cualquier efecto adverso sobre el metabolismo, crecimiento, reproducción y/o viabilidad de una planta. Por consiguiente, el estrés abiótico se puede inducir por condiciones medioambientales de crecimiento inferiores a las óptimas tales como, por ejemplo, salinidad, privación de agua, déficit de agua, sequía, inundación, congelación, baja o alta temperatura (por ejemplo, frío o excesivo calor), contaminación química tóxica, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, deficiencia de nutrientes, exceso de nutrientes, contaminación atmosférica o irradiación UV. Las implicaciones del estrés abiótico se tratan en la sección Antecedentes.

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

Como se usa en el presente documento, la expresión "biomasa vegetal" se refiere a la cantidad (medida en gramos de tejido secado al aire o seco) de un tejido producido a partir de la planta en una temporada de cultivo, que también podría determinar o afectar el rendimiento de la planta o el rendimiento por área de cultivo.

5 Como se usa en el presente documento, la expresión "rendimiento de la planta" se refiere a la cantidad (como se determina en peso, volumen o tamaño) o cantidad (números) de tejido producido o recogido por planta o por temporada de cultivo. Por tanto, un elevado rendimiento podría afectar el beneficio económico que se puede obtener de la planta en una cierta área de cultivo y/o tiempo de cultivo.

10 Como se usa en el presente documento, la expresión "vigor de la planta" se refiere a la cantidad (medida en peso) de tejido producida por la planta en un tiempo dado. Por tanto, el aumentar el vigor podría determinar o afectar el rendimiento de la planta o el rendimiento por tiempo de cultivo o área de cultivo.

15 Como se usa en el presente documento, el término "aumentar" se refiere a al menos aproximadamente 2%, al menos aproximadamente 3%, al menos aproximadamente 4%, al menos aproximadamente 5%, al menos aproximadamente 10%, al menos aproximadamente 15%, al menos aproximadamente 20%, al menos aproximadamente 30%, al menos aproximadamente 40%, al menos aproximadamente 50%, al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 80% o mayor aumento en la tolerancia de la planta al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor en comparación con una planta nativa [es decir, una planta no modificada con las biomoléculas (polinucleótido o polipéptidos) de la invención, por ejemplo, una planta no transformada de la misma especie que se cultiva en las mismas condiciones de crecimiento).

20 Como se usa en el presente documento, la expresión "polinucleótido exógeno" se refiere a una secuencia de ácidos nucleicos heteróloga que puede no ser naturalmente expresada dentro de la planta o cuya expresión en exceso en la planta se desea. El polinucleótido exógeno se puede introducir en la planta en un modo estable o transitorio, para producir una molécula de ácido ribonucleico (ARN) y/o una molécula de polipéptido. Se debe observar que el polinucleótido exógeno puede comprender una secuencia de ácidos nucleicos que es idéntica o parcialmente homóloga a una secuencia de ácidos nucleicos endógena de la planta.

25 Como se mencionó, el polinucleótido exógeno de la invención codifica un polipéptido que tiene una secuencia de aminoácidos al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 65%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 75%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99%, o más, digamos 100% homóloga a la secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

30 La homología (por ejemplo, porcentaje de homología) se puede determinar usando cualquier software de comparación de homología, que incluye, por ejemplo, el software BlastP o TBLASTN del Centro Nacional de Información Biotecnológica (abreviadamente en lo sucesivo NCBI por la expresión inglesa *National Center of Biotechnology Information*) tal como usando parámetros por defecto, cuando se empieza a partir de una secuencia de polipéptidos; o el algoritmo tBLASTX (disponible en NCBI) tal como usando parámetros por defecto, que compara los productos de traducción conceptual de seis marcos de una secuencia de búsqueda de nucleótidos (ambas hebras) con una base de datos de secuencias de proteínas.

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

40 Una opción para identificar ortólogos en especies de plantas monocotiledóneas es realizar una búsqueda recíproca con blast. Esto se puede hacer por un primera búsqueda con blast que implica aplicar el programa blast a la secuencia de interés contra cualquier base de datos de secuencias, tales como la base de datos disponible al público NCBI que se puede encontrar en: Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.) nih (.) gov. Si se buscaron ortólogos en arroz, a la secuencia de interés se le podría aplicar el programa blast, por ejemplo, contra los 45 28.469 clones ADNc de longitud completa de *Oryza sativa* Nipponbare, disponible en NCBI. Se pueden filtrar los resultados de blast. Las secuencias de longitud completa de cualquiera de los resultados filtrados o los resultados no filtrados se analizan de nuevo con el programa blast (segundo blast) contra las secuencias del organismo de las que derivó la secuencia de interés. Entonces se comparan los resultados del primer y segundo blast. Se identifica un ortólogo cuando la secuencia que da como resultado la puntuación más alta (mejor acierto) en el primer blast identifica en el segundo blast la secuencia de búsqueda (la secuencia de interés original) como el mejor acierto. Usando la misma lógica se encuentra un parálogo (homólogo a un gen en el mismo organismo). En caso de grandes familias de secuencias, se puede usar el programa ClustalW [Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ebi

(.) ac (.) uk/Tools/clustalw2/index (.) html], seguido por un árbol de unión del vecino más próximo (Protocolo de transferencia de hipertexto://en (.) wikipedia (.) org/wiki/Neighbor-joining) que ayuda a visualizar la agrupación.

Según algunas realizaciones de la invención, el polinucleótido exógeno codifica un polipéptido que consiste en la secuencia de aminoácidos expuesta por SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529, 1660-1662 o 1663.

Según algunas realizaciones de la invención, el polinucleótido exógeno comprende una secuencia de ácidos nucleicos que es al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 65%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 75%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99%, por ejemplo, 100% idéntica a la secuencia de ácidos nucleicos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

La identidad (por ejemplo, porcentaje de homología) se puede determinar usando cualquier software de comparación de homología, que incluye, por ejemplo, el software BlastN del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI) tal como usando parámetros por defecto.

Según algunas realizaciones de la invención, el polinucleótido exógeno es al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 65%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 75%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99%, por ejemplo, 100% idéntico al polinucleótido seleccionado del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1659.

Según algunas realizaciones de la invención, el polinucleótido exógeno se expone por SEQ ID NO: 1530, 1561, 1532, 1531, 1562, 1533, 1538, 1549, 1665, 1566, 1554, 1563, 1557, 1564, 1534, 1536, 1552, 1553, 1666, 1547, 1548, 1556, 1559, 1560, 1654, 1555, 1540, 1543, 1668, 1539, 1550, 1558, 1565, 1541, 1667, 1542, 1544, 1537, 1551, 1545, 1-200, 1653, 392-960 y 1656-1658 o 1659.

Como se usa en el presente documento, el término "polinucleótido" se refiere a una secuencia de ácidos nucleicos mono o bicatenaria que se aísla y se proporciona en forma de una secuencia de ARN, una secuencia complementaria de polinucleótidos (ADNc), una secuencia genómica de polinucleótidos y/o secuencias de polinucleótidos compuestas (por ejemplo, una combinación de las anteriores).

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

Como se usa en el presente documento, la expresión "secuencia genómica de polinucleótidos" se refiere a una secuencia derivada (identificada o aislada) de un cromosoma y así representa una porción contigua de un cromosoma.

Como se usa en el presente documento, la expresión "secuencia de polinucleótidos compuesta" se refiere a una secuencia, que es al menos parcialmente complementaria y al menos parcialmente genómica. Una secuencia compuesta puede incluir algunas secuencias exonales requeridas para codificar el polipéptido de la presente invención, así como algunas secuencias intrónicas que se interponen entremedias. Las secuencias intrónicas pueden ser de cualquier fuente, que incluye de otros genes, y normalmente incluirá secuencias señal de corte y empalme conservadas. Dichas secuencias intrónicas pueden incluir además elementos reguladores de la expresión que actúan *in cis*.

Se pueden optimizar para la expresión las secuencias de ácidos nucleicos que codifican los polipéptidos de la presente invención. Un ejemplo no limitante de una secuencia de ácidos nucleicos optimizada se proporciona en SEQ ID NO: 1531, que codifica el polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos expuesta por SEQ ID NO: 201. Ejemplos

de dichas modificaciones de secuencia incluyen, pero no se limitan a, un contenido alterado de G/C para un enfoque más estrecho que normalmente se encuentra en las especies de plantas de interés, y la retirada de codones que anormalmente se encuentran en las especies de plantas comúnmente denominada optimización de codón.

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

Un método de optimización de la secuencia de ácidos nucleicos según el uso de codones preferido para un tipo de célula de planta particular se basa en el uso directo, sin realizar cálculos estadísticos adicionales, de tablas de optimización de codón tales como el proporcionado en línea en la base de datos de uso de codones a través del banco de ADN del NIAS (Instituto Nacional de Ciencias Agrobiológicas, por la expresión inglesa *National Institute of Agrobiological Sciences*) en Japón (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) kazusa (.) o (.) jp/codon/). La base de datos de uso de codones contiene tablas de uso de codones para varias especies diferentes, habiéndose determinado estadísticamente cada tabla de uso de codones basándose en los datos presentes en Genbank.

Usando las tablas anteriores para determinar los codones más preferidos o más favorecidos para cada aminoácido en una especie particular (por ejemplo, arroz), se puede optimizar por codones para esa especie de planta particular una secuencia de nucleótidos que existe de forma natural que codifica una proteína de interés. Esto se efectúa reemplazando codones que pueden tener una baja incidencia estadística en el genoma de la especie particular con codones correspondientes, con respecto a un aminoácido, que están estadísticamente más favorecidos. Sin embargo, se pueden seleccionar uno o más codones menos favorecidos para delecionar sitios de restricción existentes, para crear nuevos en uniones posiblemente útiles (extremo 5' y 3' para añadir péptido señal o casetes de terminación, sitios internos que se podrían usar para cortar y empalmar juntos segmentos para producir una secuencia de longitud completa correcta), o para eliminar secuencias de nucleótidos que pueden afectar negativamente la estabilidad o expresión de ARNm.

La secuencia de nucleótidos codificante que existe de forma natural ya puede, antes de cualquier modificación, contener varios codones que corresponden a un codón estadísticamente favorecido en una especie de planta particular. Por tanto, la optimización de codón de la secuencia de nucleótidos nativa puede comprender determinar qué codones, dentro de la secuencia de nucleótidos nativa, no están estadísticamente favorecidos con respecto a una planta particular, y modificar estos codones según una tabla de uso de codones de la planta particular para producir un derivado optimizado por codones. Una secuencia de nucleótidos modificada puede ser completa o parcialmente optimizada para el uso de codones de la planta a condición de que la proteína codificada por la secuencia de nucleótidos modificada se produzca a un nivel superior a la proteína codificada por el gen que existe de forma natural o nativo correspondiente. La construcción de genes sintéticos alterando el uso de codones se describe en, por ejemplo, la solicitud de patente PCT 93/07278.

Así, la invención engloba secuencias de ácidos nucleicos descritas anteriormente en este documento; sus fragmentos, secuencias hibridables con ellas, secuencias homólogas a ellas, secuencias que codifican polipéptidos similares con diferente uso de codones, secuencias alteradas caracterizadas por mutaciones, tales como delección, inserción o sustitución de uno o más nucleótidos, ya sea que existen de forma natural o inducidas por el hombre, ya sea aleatoriamente o de una forma dirigida.

La invención proporciona un polipéptido aislado que tiene una secuencia de aminoácidos al menos aproximadamente 60%, al menos aproximadamente 65%, al menos aproximadamente 70%, al menos aproximadamente 75%, al menos aproximadamente 80%, al menos aproximadamente 81%, al menos aproximadamente 82%, al menos aproximadamente 83%, al menos aproximadamente 84%, al menos aproximadamente 85%, al menos aproximadamente 86%, al menos aproximadamente 87%, al menos aproximadamente 88%, al menos aproximadamente 89%, al menos aproximadamente 90%, al menos aproximadamente 91%, al menos aproximadamente 92%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 93%, al menos aproximadamente 94%, al menos aproximadamente 95%, al menos aproximadamente 96%, al menos aproximadamente 97%, al menos aproximadamente 98%, al menos aproximadamente 99%, o más, digamos 100% homóloga a una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1663.

Según algunas realizaciones de la invención, el polipéptido se expone por SEQ ID NO: 201, 207, 212, 202-206, 208-211, 213-391, 1655, 961-1529 y 1660-1662, o 1663.

La invención también engloba fragmentos de los polipéptidos anteriormente descritos y polipéptidos que tienen mutaciones, tales como deleciones, inserciones o sustituciones de uno o más aminoácidos, ya sea que existen de forma natural o inducidas por el hombre, ya sea aleatoriamente o de una forma dirigida.

El término "planta", como se usa en el presente documento, engloba plantas enteras, ancestros y progenie de las plantas y partes de planta, que incluyen semillas, brotes, tallos, raíces (incluyendo tubérculos) y células vegetales, tejidos y órganos. La planta puede estar en cualquier forma que incluye cultivos en suspensión, embriones, regiones meristemáticas, tejido de callo, hojas, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas. Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas que incluyen leguminosa de pasto o forraje, planta ornamental, cultivo alimenticio, árbol, o arbusto seleccionado de la lista que comprende *Acacia spp.*, *Acer spp.*, *Actinidia spp.*, *Aesculus spp.*, *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon spp.*, *Arachis spp.*, *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula spp.*, *Brassica spp.*, *Bruguiera gymnorhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra spp.*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum spp.*, *Cassia spp.*, *Centroema pubescens*, *Chacoomeles spp.*, *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronilla varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus spp.*, *Cucumis spp.*, *Cupressus spp.*, *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon spp.*, *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium spp.*, *Dicksonia squarosa*, *Dibeteropogon amplexans*, *Dioclea spp.*, *Dolichos spp.*, *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehaffia spp.*, *Eleusine coracana*, *Eragrostis spp.*, *Erythrina spp.*, *Eucalyptus spp.*, *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Pagopyrum spp.*, *Feijoa sellowiana*, *Fragaria spp.*, *Flemingia spp.*, *Freyinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *GinAgo biloba*, *Glycine javanica*, *Gliricidia spp.*, *Gossypium hirsutum*, *Grevillea spp.*, *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum spp.*, *Hemaphysa altissima*, *Heteropogon contoffus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hypeffelia dissolute*, *Indigo incamata*, *Iris spp.*, *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lepediza spp.*, *Lettuca spp.*, *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus spp.*, *Macrotyloma axillare*, *Malus spp.*, *Manihot esculenta*, *Medicago saliva*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotianum spp.*, *Onobrychis spp.*, *Ornithopus spp.*, *Oryza spp.*, *Peltophorum africanum*, *Pennisetum spp.*, *Persea gratissima*, *Petunia spp.*, *Phaseolus spp.*, *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia spp.*, *Picea glauca*, *Pinus spp.*, *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthria fleckii*, *Pogonaffria squarrosa*, *Populus spp.*, *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus spp.*, *Raphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes spp.*, *Robinia pseudoacacia*, *Rosa spp.*, *Rubus spp.*, *Salix spp.*, *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys veficillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorghum bicolor*, *Spinacia spp.*, *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthos humilis*, *Tadehagi spp.*, *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium spp.*, *Triticum spp.*, *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium spp.*, *Vicia spp.*, *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, amaranto, alcachofa, espárrago, brócoli, coles de Bruselas, repollo, canola, zanahoria, coliflor, apio, berza, lino, col rizada, lenteja, colza oleaginosa, oca, cebolla, patata, arroz, soja, paja, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, maíz, trigo, cebada, centeno, avena, cacahuete, guisante, lenteja y alfalfa, algodón, soja, canola, pimienta, girasol, tabaco, berenjena, eucalipto, un árbol, una planta ornamental, una herbácea perenne y un cultivo forrajero. Alternativamente, para los métodos de la presente invención se puede usar algas y otras plantas no *Viridiplantae*.

Según algunas realizaciones de la invención, la planta usada por el método de la invención es una planta de cultivo tal como arroz, maíz, trigo, cebada, cacahuete, patata, sésamo, olivo, aceite de palma, banana, soja, girasol, canola, caña de azúcar, alfalfa, mijo, leguminosas (judía, guisante), lino, altramuza, colza, tabaco, álamo y algodón.

La expresión del polinucleótido exógeno de la invención dentro de la planta se puede efectuar transformando una o más células de la planta con el polinucleótido exógeno, seguido por generar una planta madura de las células transformadas y cultivar la planta madura en condiciones adecuadas para expresar el polinucleótido exógeno dentro de la planta madura.

Según algunas realizaciones de la invención, la transformación se efectúa introduciendo en la célula de planta una construcción de ácidos nucleicos que incluye el polinucleótido exógeno de algunas realizaciones de la invención y al menos un promotor capaz de dirigir la transcripción del polinucleótido exógeno en la célula de planta. Más detalles de enfoques adecuados de transformación se proporcionan en el presente documento más adelante.

Como se usa en el presente documento, el término "promotor" se refiere a una región de ADN que se encuentra en la dirección 5' del sitio de iniciación transcripcional de un gen al que se une ARN polimerasa para iniciar la transcripción de ARN. El promotor controla dónde (por ejemplo, qué porción de una planta) y/o cuándo (por ejemplo, en qué estadio o condición en la vida de un organismo) se expresa el gen.

Se puede usar por la construcción de ácidos nucleicos de la presente invención cualquier secuencia promotora adecuada. Según algunas realizaciones de la invención, el promotor es un promotor constitutivo, un promotor específico de tejido, o uno inducible por estrés abiótico.

Promotores constitutivos adecuados incluyen, por ejemplo, promotor 35S del CaMV (SEQ ID NO: 1546; Odell et al., Nature 313:810-812, 1985); el promotor At6669 de *Arabidopsis* (SEQ ID NO: 1652; véase la publicación PCT N° WO04081173A2); Ubi 1 de maíz (Christensen et al., Plant Sol. Biol. 18: 675-689, 1992); actina de arroz (McElroy et al., Plant Cell 2: 163-171, 1990); pEMU (Last et al., Theor. Appl. Genet. 81: 581-588, 1991); 19S del CaMV (Nilsson et al., Physiol. Plant 100: 456-462, 1997); GOS2 (de Pater et al., Plant J Nov; 2(6): 837-44, 1992); ubiquitina (Christensen et al., Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992); ciclofilina de arroz (Bucholz et al., Plant Mol Biol. 25(5):837-43, 1994); histona H3 de maíz (Lepetit et al., Mol. Gen. Genet. 231: 276-285, 1992); actina 2 (An et al., Plant J. 10(1):107-121, 1996), el promotor constitutivo CT2 de la punta de las raíces (SEQ ID NO: 1535; véase también la solicitud PCT N° IL/2005/000627) y Super MAS sintético (Ni et al., The Plant Journal 7: 661-76, 1995). Otros promotores constitutivos incluyen aquellos en las patentes de EE.UU. N° 5.659.026, 5.608.149; 5.608.144; 5.604.121; 5.569.597; 5.466.785; 5.399.680; 5.268.463; y 5.608.142.

Los promotores específicos de tejido adecuados incluyen, pero no se limitan a, los promotores específicos de hoja [tales como se describen, por ejemplo, por Yamamoto et al., Plant J. 12:255-265, 1997; Kwon et al., Plant Physiol. 105:357-67, 1994; Yamamoto et al., Plant Cell Physiol. 35:773-778, 1994; Gotor et al., Plant J. 3:509-18, 1993; Orozco et al., Plant Mol. Biol. 23:1129-1138, 1993; y Matsuoka et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:9586-9590, 1993], promotores preferidos de semilla [por ejemplo, de genes específicos de semilla (Simon, et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985; Scofield, et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987; Baszczynski, et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990), albúmina de nuez de Brasil (Pearson et al., Plant Mol. Biol. 18: 235- 245, 1992), legumina (Ellis, et al. Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988), glutelina (arroz) (Takaiwa, et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986; Takaiwa, et al., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987), zeína (Matzke et al., Plant Mol Biol, 143),323-32 1990), napA (Stalberg, et al., Plant 199: 515-519, 1996), SPA de trigo (Albanietal, Plant Cell, 9: 171- 184, 1997), oleosina de girasol (Cummins, et al., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992)], promotores específicos de endospermo [por ejemplo, LMW y HMW de trigo, glutenina-1 (Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2), gliadinas a, b y g de trigo (EMBO3:1409-15, 1984), promotor ltr1 de cebada, hordeína B1, C, D de cebada (Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996), DOF de cebada (Mena et al., The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998), Biz2 (documento EP99106056.7), promotor sintético (Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629-640, 1998), prolamina de arroz NRP33, globulina de arroz -Glb-1 (Wu et al., Plant Cell Physiology 39(8) 885- 889, 1998), alfa-globulina de arroz REB/OHP-1 (Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513-S22, 1997), ADP-glucosa PP de arroz (Trans Res 6:157-68, 1997), familia del gen ESR de maíz (Plant J 12:235-46, 1997), gamma-kafirina de sorgo (PMB 32:1029-35, 1996)], promotores específicos de embrión [por ejemplo, OSH1 de arroz (Sato et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122), KNOX (Postma-Haarsma et al., Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999), oleosina de arroz (Wu et at, J. Biochem., 123:386, 1998)] y promotores específicos de flor [por ejemplo, AtPRP4, caleno sintasa (chsA) (Van der Meer, et al., Plant Mol. Biol, 15, 95-109,1990), LAT52 (Twell et al., Mol. Gen Genet, 217:240-245; 1989), apetala-3].

Los promotores inducibles por estrés abiótico adecuados incluyen, pero no se limitan a, promotores inducibles por sal, tales como RD29A (Yamaguchi-Shinozalei et al., Mol. Gen. Genet. 236: 331-340, 1993); promotores inducibles por sequía, tales como el promotor del gen rab17 de maíz (Pia et al., Plant Mol. Biol. 21: 259-266, 1993), el promotor del gen rab28 de maíz (Busk et al., Plant J. 11: 1285-1295, 1997) y el promotor del gen lvr2 de maíz (Pelleschi et al., Plant Mol. Biol. 39: 373-380, 1999); promotores inducibles por calor tales como el promotor hsp80 inducible por calor del tomate (patente de EE.UU. N° 5.187.267).

La construcción de ácidos nucleicos de algunas realizaciones de la invención puede incluir además un marcador de selección y/o un origen de replicación apropiados. Según algunas realizaciones de la invención, la construcción de los ácidos nucleicos utilizados es un vector lanzadera, que se puede propagar tanto en *E. coli* (en la que la construcción comprende un marcador de selección y origen de replicación apropiados) como ser compatible con la propagación en células. La construcción según la presente invención puede ser, por ejemplo, un plásmido, un bácmido, un fagémido, un cósmido, un fago, un virus o un cromosoma artificial.

La construcción de ácidos nucleicos de algunas realizaciones de la invención se puede utilizar para transformar estable o transitoriamente células de plantas. En la transformación estable, el polinucleótido exógeno se integra en el genoma de la planta y como tal representa un rasgo estable y heredado. En la transformación transitoria, el polinucleótido exógeno se expresa por la célula transformada, pero no se integra en el genoma y como tal representa un rasgo transitorio.

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

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

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

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

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

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

Tras la transformación estable se realiza la propagación de la planta. El método más común de propagación de plantas es por semillas. Sin embargo, la regeneración por propagación por semillas tiene la deficiencia de que, debido a la heterocigosidad, hay una ausencia de uniformidad en el cultivo, puesto que las semillas se producen por plantas según las variaciones genéticas regidas por las leyes de Mendel. Básicamente, cada semilla es genéticamente diferente y cada una crecerá con sus propios rasgos específicos. Por tanto, se prefiere que la planta transformada se produzca de tal manera que la planta regenerada tenga los mismos rasgos y características que los de la planta transgénica parental. Por esta razón se prefiere que la planta transformada se regenere por micropropagación, que proporciona una reproducción uniforme y rápida de las plantas transformadas.

La micropropagación es un proceso de cultivo de plantas de nueva generación a partir de un único trozo de tejido que se ha cortado de una planta o variedad de cultivo parental seleccionada. Este proceso permite la reproducción masiva de plantas que tienen el tejido preferido que expresa la proteína de fusión. Las plantas de nueva generación que se producen son genéticamente idénticas a, y tienen todas las características de, la planta original. La micropropagación permite la producción masiva de material vegetal de calidad en un corto periodo de tiempo y ofrece una rápida multiplicación de las variedades de cultivo seleccionadas en la conservación de las características de la planta transformada o transgénica original. Las ventajas de la clonación de plantas son la velocidad de la multiplicación de la planta y la calidad y uniformidad de las plantas producidas.

La micropropagación es un procedimiento multi-etapa que requiere la alteración del medio de cultivo o de las condiciones de cultivo entre las etapas. Por tanto, el proceso de micropropagación implica cuatro fases básicas: fase uno, cultivo tisular inicial; fase dos, multiplicación del cultivo tisular; fase tres, diferenciación y formación de la planta; y fase cuatro, cultivo y fortalecimiento en invernadero. Durante la fase, cultivo tisular inicial, se establece el cultivo tisular y se certifica que está libre de contaminantes. Durante la fase dos, el cultivo tisular inicial se multiplica hasta que se produzca un número suficiente de muestras tisulares para cumplir los objetivos de producción. Durante la fase tres, las muestras tisulares cultivadas en la fase dos se dividen y se desarrollan en plántulas individuales. En la fase cuatro, las plántulas transformadas se transfieren a un invernadero para el fortalecimiento, donde la tolerancia de las plantas a la luz se aumenta gradualmente de tal manera que puedan crecer en el entorno natural.

Según algunas realizaciones de la invención, las plantas transgénicas se generan por transformación transitoria de células de hoja, células meristemáticas o de toda la planta.

La transformación transitoria se puede efectuar por cualquiera de los métodos de transferencia directa de ADN descritos anteriormente o por infección viral usando virus de plantas modificados.

Los virus que se ha demostrado que son útiles para la transformación de hospedadores de planta incluyen CaMV, virus del mosaico del tabaco (TMV), virus del mosaico del bromo (BMV) y virus del mosaico común de la judía (BV o BCMV). La transformación de plantas usando virus de plantas se describe en la patente de EE.UU. N° 4.855.237 (virus del mosaico amarillo de la judía; BGV), documento EP-A 67.553 (TMV), solicitud japonesa publicada N° 63-14693 (TMV), documento EPA 194.809 (BV), documento EPA 278.667 (BV); y Gluzman, Y. et al., *Communications in*

Molecular Biology: Viral Vectors, Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York, pp. 172-189 (1988). En el documento WO 87/06261 se describen partículas de pseudovirus para su uso en la expresión de ADN exógeno en muchos hospedadores, incluyendo plantas.

Según algunas realizaciones de la invención, el virus usado para las transformaciones transitorias es un avirulento y, por tanto, incapaz de causar graves síntomas tales como tasa de crecimiento reducida, mosaico, manchas anulares, enrollamiento foliar, amarilleamiento, formación de vetas, formación de pústulas, formación de tumores y picaduras. Un virus avirulento adecuado puede ser un virus avirulento de origen natural o un virus artificialmente atenuado. La atenuación de virus se puede efectuar usando métodos bien conocidos en la técnica que incluyen, pero no se limitan a, calentamiento subletal, tratamiento químico o por técnicas de mutagénesis dirigida, tales como las descritas, por ejemplo, por Kurihara y Watanabe (Molecular Plant Pathology 4: 259-269, 2003), Galon et al. (1992), Atreya et al. (1992) y Huet et al. (1994).

Se pueden obtener cepas de virus adecuadas de fuentes disponibles tales como, por ejemplo, la Colección Americana de Cultivos Tipo (ATCC) o por aislamiento de plantas infectadas. El aislamiento de virus de tejidos de plantas infectadas se puede efectuar por técnicas bien conocidas en la técnica, tales como las descritas, por ejemplo, por Foster y Tatlor, Eds. "Plant Virology Protocols: From Virus Isolation to Transgenic Resistance (Methods in Molecular Biology (Humana Pr), Vol 81)", Humana Press, 1998. Brevemente, los tejidos de una planta infectada, que se piensa que contienen una alta concentración de un virus adecuado, preferentemente hojas y pétalos de flores jóvenes, se cultivan en una disolución tampón (por ejemplo, disolución de tampón fosfato) para producir una savia infectada con virus que se puede usar en inoculaciones posteriores.

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

Cuando el virus es un virus de ADN, se pueden hacer modificaciones adecuadas en el propio virus. Alternativamente, el virus se puede clonar primero en un plásmido bacteriano para facilitar la construcción del vector viral deseado con el ADN exógeno. El virus puede luego extraerse del plásmido. Si el virus es un virus de ADN, se puede unirse al ADN viral un origen de replicación bacteriano, que después se replica por la bacteria. La transcripción y traducción de este ADN producirá la proteína de la cubierta que encapsidará el ADN viral. Si el virus es un virus de ARN, el virus se clona generalmente como un ADNc y se inserta en un plásmido. El plásmido se usa luego para fabricar todas las construcciones. El virus de ARN se produce después transcribiendo la secuencia viral del plásmido y traduciendo los genes virales para producir la(s) proteína(s) de la cubierta que encapsidan el ARN viral.

En una realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta en el que se ha delecionado de un polinucleótido viral la secuencia codificante de la proteína de la cubierta nativa, una secuencia codificante de la proteína de la cubierta viral de una planta no nativa y un promotor no nativo, preferentemente se ha insertado el promotor subgenómico de la secuencia codificante de la proteína de la cubierta no nativa, capaz de expresar en la planta hospedadora, encapsidar el polinucleótido viral de la planta recombinante y de garantizar una infección sistémica del hospedador por el polinucleótido viral de la planta recombinante. Alternativamente, el gen de la proteína de la cubierta se puede inactivar por inserción de la secuencia de polinucleótidos no nativa en su interior, de tal manera que se produce una proteína. El polinucleótido viral de la planta recombinante puede contener uno o más promotores subgenómicos no nativos adicionales. Cada promotor subgenómico no nativo puede transcribir o expresar genes adyacentes o secuencias de polinucleótidos en la planta hospedadora y no puede recombinarse entre sí ni con promotores subgenómicos nativos. Las secuencias de polinucleótidos (exógenas) no nativas se pueden insertar adyacentes al promotor subgenómico viral de la planta nativa o a los promotores subgenómicos virales de la planta nativa y no nativa si se incluye más de una secuencia de polinucleótidos. Las secuencias de polinucleótidos no nativas se transcriben o se expresan en la planta hospedadora bajo el control del promotor subgenómico para producir los productos deseados.

En una segunda realización, al igual que en la primera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante, excepto que la secuencia codificante de la proteína de la cubierta nativa se coloca adyacente a uno de los promotores subgenómicos de la proteína de la cubierta no nativa en lugar de a una secuencia codificante de la proteína de la cubierta no nativa.

En una tercera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante en el que el gen de la proteína de la cubierta nativa es adyacente a su promotor subgenómico y uno o más promotores subgenómicos no nativos se han insertado en el polinucleótido viral. Los promotores subgenómicos no nativos insertados pueden transcribir o expresar genes adyacentes en una planta hospedadora y no pueden recombinarse entre sí ni con promotores subgenómicos nativos. Las secuencias de polinucleótidos no nativas se pueden insertar adyacentes a los promotores virales de plantas subgenómicos no nativos de tal manera que las secuencias se transcriban o expresen en la planta hospedadora bajo el control de los promotores subgenómicos para producir el producto deseado.

En una cuarta realización, al igual que en la tercera realización, se proporciona un polinucleótido viral de planta recombinante, excepto que la secuencia codificante de la proteína de la cubierta nativa se reemplaza por una secuencia codificante de la proteína de la cubierta no nativa.

Los vectores virales se encapsidan por las proteínas de la cubierta codificadas por el polinucleótido viral de planta recombinante para producir un virus de planta recombinante. El polinucleótido viral de planta recombinante o virus de planta recombinante se usa para infectar plantas hospedadoras apropiadas. El polinucleótido viral de planta recombinante se puede replicar en el hospedador, propagar sistémicamente en el hospedador y transcribir o expresar gen(es) extraño(s) (polinucleótido exógeno) en el hospedador para producir la proteína deseada.

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

Además de lo anterior, el polinucleótido de la presente invención también se puede introducir en un genoma de cloroplasto, mediante lo cual se facilita la expresión del cloroplasto.

Se conoce una técnica para introducir secuencias de polinucleótidos exógenos en el genoma de los cloroplastos. Esta técnica implica los siguientes procedimientos. En primer lugar, se tratan químicamente las células de la planta para reducir el número de cloroplastos por célula a aproximadamente uno. Después, se introduce el polinucleótido exógeno mediante bombardeo de partículas en las células con el objetivo de introducir al menos una molécula de polinucleótido exógeno en el cloroplasto. El polinucleótido exógeno se selecciona de tal manera que sea integrable en el genoma del cloroplasto mediante recombinación homóloga que se efectúa fácilmente por enzimas inherentes al cloroplasto. Para esta finalidad, el polinucleótido exógeno incluye, además de un gen de interés, al menos un tramo polinucleotídico que deriva del genoma del cloroplasto. Además, el polinucleótido exógeno incluye un marcador de selección, que desempeña procedimientos de selección secuencial para confirmar que todas, o sustancialmente todas, las copias de los genomas del cloroplasto, después de dicha selección, incluirán el polinucleótido exógeno. Detalles adicionales referentes a esta técnica se encuentran en las patentes de EE.UU. N° 4.945.050; y 5.693.507. Un polipéptido se puede así producir por el sistema de expresión de proteínas del cloroplasto y llegar a integrarse en la membrana interna del cloroplasto.

Puesto que la tolerancia al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor en las plantas puede implicar la acción de genes múltiples de manera aditiva o en sinergia (véase, por ejemplo, Quesda et al., Plant Physiol. 130:951-063, 2002), la presente divulgación también contempla expresar una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora para así obtener un efecto superior sobre la tolerancia al estrés abiótico, el crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor.

La expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora se puede efectuar co-introduciendo construcciones de ácido nucleico múltiples, incluyendo cada una de ellas un polinucleótido exógeno diferente, en una sola célula de planta. La célula transformada puede después regenerarse en una planta madura usando los métodos descritos anteriormente en el presente documento.

Alternativamente, la expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos en una sola planta hospedadora se puede efectuar co-introduciendo en una sola célula de planta una sola construcción de ácido nucleico que incluye una pluralidad de polinucleótidos exógenos diferentes. Dicha construcción se puede diseñar con una sola secuencia promotora que puede transcribir un ARN mensajero policistrónico que incluye todas las diferentes secuencias de polinucleótidos exógenos diferentes. Para permitir la co-traducción de los diferentes polipéptidos codificados por el ARN mensajero policistrónico, las secuencias de polinucleótidos se pueden interconectar mediante una secuencia de sitio interno de entrada al ribosoma (abreviadamente en lo sucesivo IRES por la expresión inglesa *Internal Ribosome Entry Site*) que facilita la traducción de las secuencias de polinucleótidos ubicadas aguas abajo de la secuencia IRES. En este caso, una molécula de ARN policistrónico transcrito que codifica los diferentes polipéptidos descritos anteriormente se traducirá desde tanto el extremo 5' protegido como las dos secuencias IRES internas de la molécula de ARN policistrónico para producir de este modo en la célula todos los polipéptidos diferentes. Alternativamente, la construcción puede incluir diversas secuencias promotoras, cada una de ellas unida a una secuencia de polinucleótidos diferente.

La célula de la planta transformada con la construcción que incluye una pluralidad de polinucleótidos exógenos diferentes se puede regenerar en una planta madura, usando los métodos descritos anteriormente en el presente documento.

Alternativamente, la expresión de una pluralidad de polinucleótidos exógenos se puede efectuar introduciendo diferentes construcciones de ácido nucleico, que incluyen polinucleótidos exógenos diferentes, en una pluralidad de plantas. Después, se pueden cruzar las plantas transformadas regeneradas y la progenie resultante se puede seleccionar para tolerancia al estrés abiótico superior, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor, usando técnicas convencionales de cultivo de plantas.

Según algunas realizaciones de la invención, la planta que expresa el (los) polinucleótido(s) exógeno(s) se cultiva en condiciones normales.

Según algunas realizaciones de la divulgación, el método comprende además cultivar la planta que expresa el (los) polinucleótido(s) exógeno(s) con el estrés abiótico.

Así, la invención engloba plantas que expresan exógenamente (como se ha descrito anteriormente), el (los) polinucleótido(s) y/o polipéptido(s) de la invención. Una vez expresado en la célula de la planta o en toda la planta, el nivel del polipéptido codificado por el polinucleótido exógeno se puede determinar por métodos bien conocidos en la técnica tales como ensayos de actividad, transferencias Western usando anticuerpos capaces de unirse específicamente al polipéptido, ensayo inmunoanalítico de adsorción (ELISA), radioinmunoensayo (RIA), inmunohistoquímica, inmunocitoquímica, inmunofluorescencia y similares.

Los métodos de determinación en la planta del nivel de ARN transcrito del polinucleótido exógeno son bien conocidos en la técnica e incluyen, por ejemplo, análisis de transferencia Northern, análisis de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) (incluyendo RT-PCR cuantitativa, semi-cuantitativa o en tiempo real) e hibridación de ARN *in situ*.

Los polinucleótidos y polipéptidos descritos anteriormente en el presente documento se pueden usar en una amplia serie de plantas económicas, de manera inocua y rentable.

En efecto del transgén (el polinucleótido exógeno que codifica el polipéptido) sobre la tolerancia al estrés abiótico, crecimiento, biomasa, rendimiento y/o vigor se puede determinar usando métodos conocidos.

Tolerancia al estrés abiótico - Se exponen a una condición de estrés abiótico plantas transformadas (es decir, que expresan el transgén) y no transformadas (no mutadas), tal como privación de agua, temperatura inferior a la óptima (baja temperatura, alta temperatura), deficiencia de nutrientes, exceso de nutrientes, una condición de estrés salino, estrés osmótico, toxicidad a metales pesados, anaerobiosis, contaminación atmosférica y radiación UV.

Ensayo de tolerancia a la salinidad - Se espera que las plantas transgénicas con tolerancia a altas concentraciones de sal presenten mejor germinación, vigor o crecimiento de las plantas de semillero en alto contenido en sal. El estrés salino se puede efectuar de muchas maneras, tales como, por ejemplo, regando las plantas con una disolución hiperosmótica, cultivando las plantas hidropónicamente en una disolución de cultivo hiperosmótica (por ejemplo, disolución de Hoagland con sal añadida) o cultivando las plantas en un medio de cultivo hiperosmótico [por ejemplo, medio Murashige-Skoog (medio MS) al 50% con sal añadida]. Puesto que las diferentes plantas varían considerablemente en su tolerancia a la salinidad, se puede ajustar la concentración de sales en el agua de riego, disolución de cultivo o medio de cultivo, según las características específicas de la variedad de cultivo o variedad específica de una planta, para infringir un efecto leve o moderado sobre la fisiología y/o morfología de las plantas (para una orientación en cuanto a concentración apropiada véase, Bernstein y Kafkafi, Root Growth Under Salinity Stress In: Plant Roots, The Hidden Half 38 ed. Waisel Y, Eshel A y Kafkafi U. (editores) Marcel Dekker Inc., Nueva York, 2002, y referencias en su interior).

Por ejemplo, puede realizarse un ensayo de tolerancia a la salinidad regando plantas en diferentes estadios de desarrollo con concentraciones crecientes de cloruro sódico (por ejemplo NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM, 400 mM) aplicadas desde abajo y desde arriba para garantizar la dispersión homogénea de la sal. Después de la exposición a la condición de estrés, las plantas se monitorizan frecuentemente hasta que aparecen efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales en las plantas no mutantes. Por tanto, se comparan entre las plantas de control y las transgénicas el aspecto fenotípico externo, el grado de marchitamiento y el éxito global para alcanzar la madurez y producir progenie. Los parámetros cuantitativos de tolerancia medidos incluyen, pero no se limitan a, humedad promedio y peso seco, tasa de crecimiento, tamaño foliar, cobertura foliar (área foliar total), el peso de las semillas producidas, el tamaño promedio de la semilla y el número de semillas producidas por planta. Las plantas transformadas que no presentan efectos fisiológicos y/o morfológicos sustanciales, o que presentan mayor biomasa que las plantas no mutadas, se identifican como plantas tolerantes al estrés abiótico.

Ensayo de tolerancia osmótica - Se realizan ensayos de estrés osmótico (que incluyen ensayos con cloruro sódico y PEG) para determinar si un fenotipo de estrés osmótico es específico de cloruro sódico o si es un fenotipo general relacionado con el estrés osmótico. Las plantas que son tolerantes al estrés osmótico pueden tener más tolerancia a la sequía y/o a la congelación. Para experimentos de estrés salino y osmótico, el medio se complementa, por ejemplo, con NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM o PEG al 15%, 20% o 25%. Véanse también los Ejemplos 6 y 7 de la sección de Ejemplos más adelante.

Ensayo de tolerancia a la sequía/ensayo osmótico - Se realiza la tolerancia a la sequía para identificar los genes que confieren una mejor supervivencia a las plantas después de la privación intensa de agua. Para analizar si las plantas transgénicas son o no más tolerantes a la sequía, se puede realizar un estrés osmótico producido por el osmolito no iónico sorbitol en el medio. Germinan las plantas de control y transgénicas y se cultivan en placas de agar vegetal durante 4 días, después de los cuales se transfieren a placas que contienen sorbitol 500 mM. El tratamiento causa retraso del crecimiento, después se comparan las plantas tanto transgénicas como de control, midiendo el peso de la planta (húmedo y seco), el rendimiento y por tasas de crecimiento medidas como tiempo hasta la floración.

Por otro lado, se realizan exploraciones de sequía basadas en suelo con plantas que expresan en exceso los polinucleótidos detallados anteriormente. Germinan las semillas de plantas de control de *Arabidopsis*, u otras plantas

transgénicas que expresan en exceso el polipéptido de la invención, y se transfieren a macetas. El estrés por sequía se obtiene después de parar de regar, acompañado por la colocación de las macetas sobre papel absorbente para potenciar la tasa de secado del suelo. Las plantas transgénicas y de control se comparan entre sí cuando la mayoría de las plantas de control desarrollan marchitamiento grave. Las plantas vuelven a regarse después de obtener una fracción significativa de las plantas de control que presentan un marchitamiento grave. Las plantas se clasifican comparando los controles para cada uno de dos criterios: tolerancia a las condiciones de sequía y recuperación después de volver a regar (supervivencia).

Tolerancia al estrés por frío - Una manera de analizar el estrés por frío es la siguiente. Se transfieren plantas maduras (25 días de vida) a cámaras a 4 °C durante 1 o 2 meses, con luz constitutiva. Después las plantas se vuelven a llevar al invernadero. Dos semanas después, se comparan los daños del periodo de enfriamiento, resultantes del retraso del crecimiento y otros fenotipos, entre las plantas de control y las transgénicas, midiendo el peso de la planta (húmedo y seco), y comparando las tasas de crecimiento medidas como tiempo hasta la floración, tamaño de la planta, rendimiento y similares.

Tolerancia al estrés por calor - Una manera de medir la tolerancia al estrés por calor es exponer las plantas a temperaturas por encima de 34 °C durante un cierto periodo. La tolerancia de la planta se examina después de transferir las plantas de nuevo a 22 °C para su recuperación y evaluación después de 5 días con respecto a controles internos (plantas no transgénicas) o plantas no expuestas ni a estrés por frío ni a estrés por calor.

Ensayos de germinación - Los ensayos de germinación comparan el porcentaje de semillas de plantas transgénicas que podrían completar el proceso de germinación con el porcentaje de semillas de plantas de control que se tratan de la misma manera. Se consideran condiciones normales, por ejemplo, incubaciones a 22 °C con ciclos diarios de 22 horas de luz y de 2 horas de oscuridad. La evaluación de la germinación y el vigor de las plantas de semillero se realiza entre 4 y 14 días después de plantar. El medio basal es medio MS (Murashige y Skoog, 1962 Plant Physiology 15, 473-497) al 50%.

La germinación se comprueba también en condiciones desfavorables tales como frío (incubando a temperaturas inferiores a 10 °C en lugar de a 22 °C) o usando disoluciones de inhibición de semilla que contienen altas concentraciones de un osmolito tal como sorbitol (a concentraciones de 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM y hasta 1000 mM) o aplicando concentraciones crecientes de sal (de NaCl 50 mM, 100 mM, 200 mM, 300 mM, 500 mM).

Efecto del transgén sobre el crecimiento, la biomasa, el rendimiento y/o el vigor de la planta – Se puede calcular el vigor de la planta por el aumento de los parámetros de crecimiento tales como el área foliar, la longitud de la fibra, el diámetro de la roseta, el peso fresco de la planta y similares por intervalo de tiempo.

Se puede medir la tasa de crecimiento usando análisis digital del crecimiento de las plantas. Por ejemplo, se pueden capturar cada tres días imágenes de plantas que crecen en invernaderos en parcelas y se puede calcular el área de la roseta por análisis digital. El crecimiento del área de la roseta se calcula usando la diferencia del área de la roseta entre los días de muestreo dividido entre la diferencia en días entre las muestras.

Se pueden realizar mediciones del rendimiento de las semillas recogiendo las semillas totales de 8-16 plantas juntas, pesándolas usando una balanza analítica y dividiendo el peso total entre el número de plantas. Se puede calcular área de crecimiento por semilla de la misma manera aunque teniendo en cuenta el área de crecimiento dada a una sola planta. Podría obtenerse el aumento del rendimiento de la semilla por área de crecimiento aumentando el rendimiento de la semilla por planta y/o aumentando el número de plantas capaces de crecer en un área determinada.

La evaluación del rendimiento de la semilla por planta se puede hacer midiendo la cantidad (peso o tamaño) o cifra (es decir, número) de las semillas secas producidas y cosechadas de 8-16 plantas y dividido entre el número de plantas.

La evaluación de la tasa de crecimiento se puede hacer midiendo la biomasa de la planta producida, el área de la roseta, el tamaño foliar o la longitud radicular por tiempo (puede medirse en cm² por día de área foliar).

La longitud de la fibra se puede medir usando un fibrógrafo. Se usó el sistema con fibrógrafo para contar la longitud en términos de longitud "media de la mitad superior". La longitud media de la mitad superior (MMS) es la longitud promedio de la mitad más larga de la distribución de la fibra. El fibrógrafo mide la longitud en longitudes por tramos a un punto de porcentaje dado (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) cottoninc (.) com/ClassificationofCotton/? Pg=4#Length).

Por tanto, la presente invención es de alto valor agrícola para promover el rendimiento de cultivos comercialmente deseados (por ejemplo, biomasa de órganos vegetativos tales como madera de álamo, u órganos reproductores tales como diversas semillas o biomasa de semillas).

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

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

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

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

10 Como se usa en el presente documento, la forma singular "uno", "una", "el" y "la" incluyen referencias en plural a menos que el contexto dicte claramente otra cosa. Por ejemplo, la expresión "un compuesto" o "al menos un compuesto" puede incluir una pluralidad de compuestos, incluyendo sus mezclas.

15 A lo largo de esta solicitud, diversas realizaciones de la presente invención se pueden presentar en un formato de intervalos. Se debe entender que la descripción en formato de intervalos es exclusivamente por conveniencia y brevedad y no se debe considerar como una limitación inflexible del alcance de la invención. Por consiguiente, se debe considerar que la descripción de un intervalo ha desvelado específicamente todos los subintervalos posibles, así como los valores numéricos individuales dentro de ese intervalo. Por ejemplo, la descripción de un intervalo tal como de 1 a 6 se debe considerar que ha desvelado específicamente subintervalos tales como desde 1 hasta 3, desde 1 hasta 4, desde 1 hasta 5, desde 2 hasta 4, desde 2 hasta 6, desde 3 hasta 6, etc., así como números individuales dentro de ese intervalo, por ejemplo, 1, 2, 3, 4, 5 y 6. Esto se aplica con independencia de la amplitud del intervalo.

20 Siempre que en el presente documento se indique un intervalo numérico, significa que incluye cualquier número (fraccionario o entero) citado dentro del intervalo indicado. Las expresiones "que varía/varía entre" un primer número indicado y un segundo número indicado y "que varía/varía desde" un primer número indicado "hasta" un segundo número indicado se usan en el presente documento indistintamente y significan que incluyen el primer y segundo números indicados y todos los números fraccionarios o enteros entre los mismos.

25 Como se usa en el presente documento, el término "método" se refiere a maneras, medios, técnicas y procedimientos para realizar una tarea determinada que incluye, pero sin limitación, las maneras, medios, técnicas y procedimientos bien conocidos, o fácilmente desarrollados a partir de maneras, medios, técnicas y procedimientos conocidos, por los profesionales de las técnicas química, farmacológica, biológica, bioquímica y médica.

30 Se aprecia que determinadas características de la invención, que por claridad se describen en el contexto de realizaciones separadas, también se pueden proporcionar en combinación en una sola realización. A la inversa, diversas características de la invención que, por brevedad se describen en el contexto de una sola realización, también se pueden proporcionar por separado o en cualquier subcombinación adecuada o, según sea adecuado, en cualquier otra realización descrita de la invención. Determinadas características descritas en el contexto de las diversas realizaciones no han de considerarse características esenciales de aquellas realizaciones, a menos que la realización sea inoperativa sin aquellos elementos.

35 Diversas realizaciones y aspectos de la presente invención como se han definido anteriormente en el presente documento y como se reivindican más adelante en la sección de reivindicaciones encuentran respaldo experimental en los siguientes ejemplos.

Ejemplos

40 Ahora, se hace referencia a los siguientes ejemplos, que junto con la descripción anterior ilustran algunas realizaciones de la invención de modo no limitante.

Generalmente, la nomenclatura usada en el presente documento y los procedimientos de laboratorio utilizados en la presente invención incluyen técnicas moleculares, bioquímicas, microbiológicas y de ADN recombinante. Dichas técnicas se explican detalladamente en la bibliografía. Véase, por ejemplo, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual" Sambrook et al., (1989); "Current Protocols in Molecular Biology" volúmenes I-III Ausubel, R. M., ed. (1994); Ausubel et al., "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley y Sons, Baltimore, Maryland (1989); Perbal, "A Practical Guide to Molecular Cloning", John Wiley & Sons, Nueva York (1988); Watson et al., "Recombinant DNA", Scientific American Books, Nueva York; Birren et al. (eds) "Genome Analysis: A Laboratory Manual Series", Vols. 1-4, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Nueva York (1998); metodologías como las expuestas en las patentes de EE.UU. N° 4.666.828; 4.683.202; 4.801.531; 5.192.659 y 5.272.057; "Cell Biology: A Laboratory Handbook", Volúmenes I-III Cellis, J. E., ed. (1994); "Current Protocols in Immunology" Volumes I-III Coligan J. E., ed. (1994); Stites et al. (eds), "Basic and Clinical Immunology" (8ª Edición), Appleton & Lange, Norwalk, CT (1994); Mishell y Shiigi (eds), "Selected Methods in Cellular Immunology", W. H. Freeman y Co., Nueva York (1980); inmunoensayos disponibles se describen extensamente en la bibliografía de patente y científica, véanse, por ejemplo, las patentes de EE.UU. N° 3.791.932; 3.839.153; 3.850.752; 3.850.578; 3.853.987; 3.867.517; 3.879.262; 3.901.654; 3.935.074; 3.984.533; 3.996.345; 4.034.074; 4.098.876; 4.879.219; 5.011.771 y 5.281.521; "Oligonucleotide Synthesis" Gait, M. J., ed. (1984); "Nucleic Acid Hybridization" Hames, B. D., y Higgins S. J., eds. (1985); "Transcription and Translation" Hames, B. D., y Higgins S. J., Eds. (1984); "Animal Cell Culture" Freshney, R. I., ed. (1986); "Immobilized Cells and Enzymes" IRL Press,

(1986); "A Practical Guide to Molecular Cloning" Perbal, B., (1984) y "Methods in Enzymology" Vol. 1-317, Academic Press; "PCR Protocols: A Guide To Methods And Applications", Academic Press, San Diego, CA (1990); Marshak et al., "Strategies for Protein Purification and Characterization - A Laboratory Course Manual" CSHL Press (1996); todos los cuales se incorporan como referencia como si se hubieran expuesto completamente en el presente documento. A lo largo de este documento se proporcionan otras referencias generales. Se piensa que los procedimientos del presente documento son muy conocidos en la técnica y se proporcionan por comodidad para el lector.

Ejemplo 1

Identificación de supuestos genes que aumentan la tolerancia al estrés abiótico y/o el rendimiento/biomasa

Los presentes inventores han identificado genes que aumentan la tolerancia al estrés abiótico (TEAB) y/o la tasa de crecimiento/rendimiento/biomasa/vigor, de la siguiente manera. Los genes se validaron *in vivo* como se describió previamente en el documento WO2004/104162 concedido al presente cesionario. Todos los conjuntos de datos de secuencias de nucleótidos usados aquí se originaron de bases de datos disponibles al público. Los datos de secuencias de 50 especies diferentes (principalmente especies de plantas) se introdujeron en una sola base de datos integral. También se incorpora otra información sobre la expresión de genes, anotación de proteínas, enzimas y vías. Las bases de datos principales usadas incluyen:

- *Genomas*

- Genoma de *Arabidopsis* [genoma TAIR versión 6 (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). Arabidopsis (.). org/)]

- Genoma de arroz [construcción IRGSP 4.0 (Protocolo de transferencia de hipertexto://rgp (.). dna (.). affrc (.). go (.). jp/IRGSP/)].

- Álamo [*Populus trichocarpa* versión 1.1 de JGI (ensamblaje versión v1.0) (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). genome (.). jgi-psf (.). org/)]

- *Brachypodium* [JGI 4x ensamblaje Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). brachypodium (.). org/]

- Soja [DOE-JGI SCP, versión Glyma0 (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). phytozome (.). neU)]

- Uva [NCBI WGS ensamblaje ftp://ftp (.). ncbi (.). nih (.). gov/ genbank/wgs/]

- Ricino [TIGR/J Craig Venter Institute 4x ensamblaje

- Protocolo de transferencia de hipertexto://msc (.). jcv (.). org/r_communis

- Sorgo [DOE-JGI SCP, versión Sbi1 Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). phytozome (.). netl)].

- *Las secuencias de EST expresadas y de ARNm se extrajeron de*

- GeneBank versiones 154, 157, 160, 161, 164 y 165 (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). ncbi (.). nlm (.). nih (.). gov/dbEST/)

- RefSeq (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). ncbi (.). nlm (.). nih (.). gov/RefSeq/).

- TAIR (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). arabidopsis (.). org/).

- *Bases de datos de proteínas y rutas*

- Uniprot (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web.expasy.uniprot.org/).

- AraCyc (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.). arabidopsis (.). org/biocyc/index (.). jsp).

- ENZYME (Protocolo de transferencia de hipertexto://expasy.org/enzyme/).

- *Los conjuntos de datos de micromatrices se descargaron de*

- GEO (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web.ncbi.nlm.nih.gov/geo/)

- TAIR (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web.arabidopsis.org/).

- Datos de micromatrices de la fibra de algodón de la patente de Evogene

- *Información QTL*

- Gramene (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) gramene (.) org/qtl/).

Se realizó un ensamblaje de bases de datos para construir una base de datos amplia, rica, fiable, anotada y fácil de analizar que comprendía secuencias de ARNm genómico, EST y ADN disponibles al público, datos de diversos cultivos, así como datos de expresión de genes, anotación de proteínas y de vías, QTL, y otra información relevante.

El ensamblaje de las bases de datos comprende una aplicación de herramientas de refinamiento de genes, estructuración, anotación y análisis que permitía construir una base de datos a medida para cada proyecto de descubrimiento génico. Las herramientas del refinamiento de genes y estructuración permiten detectar de manera fiable variantes de corte y empalme y transcritos antisentido, generando el entendimiento de los posibles diversos resultados fenotípicos de un solo gen. La capacidad de la plataforma "LEADS" de Compugen LTD para analizar el genoma humano se ha confirmado y aceptado por el comité científico ("Widespread Antisense Transcription", Yelin, et al. (2003) Nature Biotechnology 21, 379-85; "Splicing of Alu Sequences", Lev-Maor, et al. (2003) Science 300 (5623), 1288-91), y también ha demostrado ser la más eficaz en genómica de plantas.

Agrupamiento de EST y ensamblaje de genes - Para agrupar y ensamblar genes de *arabidopsis* y de arroz se empleó la versión "genomic LEADS". Esta herramienta permite agrupar de un modo más exacto secuencias de EST y de ARNm en el genoma y predice la estructura génica, así como eventos de corte y empalme alternativo y transcripción antisentido.

Para organismos con datos de secuencias de genoma completo no disponibles, se aplicó "LEADS expresado", así como el software de agrupamiento TIGR (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) tigr (.) org/). Los resultados de las dos herramientas de agrupamiento se compararon y en los casos en los que los grupos previstos por las dos herramientas eran significativamente diferentes, se presentaron y se consideraron las dos versiones.

Anotación de genes - Los genes y las proteínas previstos se anotaron de la siguiente manera:

- Se realizó búsqueda con Blast (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.) nih (.) gov (.) library (.) vu (.) edu (.) au/BLAST/) contra todas las secuencias UniProt de plantas (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) expasy (.) uniprot (.) org/).

- Se usaron cálculos con Frame-Finder (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ebi (.) ac (.) uk/~guy/estate/) con valores estadísticos por defecto para predecir secuencias de proteínas para cada transcrito.

- Las proteínas previstas se analizaron con InterPro (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ebi (.) ac (.) uk/interpro/).

- Se usaron proteínas contra Blast de las bases de datos de AraCyc y ENZYME para mapear los transcritos previstos para las rutas AraCyc.

- Cada transcrito se comparó usando el algoritmo tblastx (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) ncbi (.) nlm (.) nih (.) gov (.) library (.) vu (.) edu (.) au/BLAST/) contra el resto de las bases de datos de otros organismos para validar la exactitud de la secuencia de proteínas prevista y para una detección eficaz de ortólogos.

Perfil de expresión de genes - Se aprovecharon algunas fuentes de datos para realizar el perfil de expresión de genes, concretamente datos de micromatriz y perfil de expresión digital (véase más adelante). Según el perfil de expresión de genes, se realizó un análisis de correlación para identificar genes que estaban co-regulados en diferentes fases de desarrollo y condiciones ambientales.

Se descargaron conjuntos de datos de micromatrices disponibles al público de los sitios TAIR y NCBI GEO, se renormalizaron y se integraron en la base de datos. El perfil de expresión fue uno de los datos de recursos más importantes para identificar genes importantes para la TEAB. Además, cuando genes homólogos de diferentes cultivos eran sensibles a la TEAB, los genes se marcaban como "altamente predictivos para mejorar la TEAB".

Se recopiló un resumen de perfil de expresión digital para cada grupo según todas las palabras clave incluidas en los registros de secuencias que comprendían el grupo. La expresión digital, también conocida como transferencia Northern electrónica, es una herramienta que muestra un perfil de expresión virtual basado en las secuencias EST que forman el grupo génico. La herramienta puede proporcionar el perfil de expresión de un grupo en términos de la anatomía de la planta (en qué tejidos/órganos se expresa el gen), fase de desarrollo (las fases de desarrollo a las que se puede encontrar un gen) y perfil de tratamiento (proporciona las condiciones fisiológicas en las que se expresa un gen, tal como sequía, frío, infección por patógenos, etc.). Dada una distribución al azar de las EST en los diferentes grupos, la expresión digital proporciona un valor de probabilidad que describe la probabilidad de un grupo que tiene un total de N EST para contener X EST de una determinada colección de bibliotecas. Para los cálculos de probabilidad se tiene en cuenta: a) el número de EST en el grupo, b) el número de EST de las bibliotecas implicadas y relacionadas, e) el número total de EST disponibles que representan las especies. Por lo tanto los grupos con valores de baja

probabilidad están enormemente enriquecidos con EST del grupo de bibliotecas de interés que indican una expresión especializada.

5 Los conceptos de ortología y paralogía se han aplicado recientemente a caracterizaciones y clasificaciones funcionales en la escala de comparaciones de genoma completo. Los ortólogos y parálogos constituyen dos tipos de homólogos principales: los primeros evolucionaron de un ancestro común por especialización y los segundos están relacionados por eventos de duplicación. Se supone que es probable que los parálogos que surgen de eventos de duplicación antiguos tengan función que ha divergido, mientras que es más probable que los ortólogos verdaderos conserven la misma función a lo largo de la evolución.

10 Para investigar e identificar adicionalmente supuestos genes ortólogos de especies monocotiledóneas con TEAB, se integraron dos métodos informáticos:

(i) *Método para alineaciones de secuencias ortólogas* - basado en la construcción de grupos ortólogos a través de múltiples taxones eucariotas, usando modificaciones en el algoritmo de grupos de Markov para agrupar supuestos ortólogos y parálogos. Estos supuestos ortólogos se organizaron adicionalmente en un filograma – un diagrama con ramificaciones (árbol) que se supone que es una estimación de una filogenia de los genes.

15 (ii) *Método de generación de perfiles de expresión de genes "Expresión Digital"* –

20 Los presentes inventores han realizado un considerable esfuerzo dirigido a secuencias de anotación. Se analizaron los datos de expresión y se clasificaron las bibliotecas de EST usando un vocabulario fijo de términos habituales tales como tratamientos experimentales. Se analizaron estadísticamente las anotaciones de todas las EST agrupadas para un gen comparando su frecuencia en el grupo frente a su abundancia en la base de datos, lo que permitió construir un perfil de expresión numérico y gráfico de ese gen, que se denomina "expresión digital".

25 El fundamento de uso de estos dos métodos complementarios se basa en la suposición de que es probable que los ortólogos verdaderos conserven la misma función a lo largo del tiempo evolutivo. Estos dos métodos (patrón de secuencias y de expresión) proporcionan dos conjuntos de indicaciones diferentes en función de las similitudes entre dos genes homólogos, similitudes en el nivel de secuencia - mismos aminoácidos en los dominios de las proteínas y similitudes en los perfiles de expresión.

En total, se identificaron 110 genes que tenían un impacto importante sobre la TEAB cuando se expresaban en exceso en plantas. Los genes de TEAB identificados, sus secuencias curadas de polinucleótidos y polipéptidos, así como sus secuencias actualizadas según la base de datos del GenBank, se resumen en la Tabla 1, en el presente documento a continuación.

Tabla 1

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
1	MAB1	MAB1.0.arroz gb154 BM421111_T1	arroz	201		
2		MAB1.1.arroz gb157.2 BM421111_T1	arroz	202	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
3	MAB2	MAB2.0.arroz gb154 AU225547_T1	arroz			Proteína no prevista
4		MAB2.1.arroz gb157.2 AU225547_T1	arroz		actualizado para producción gb157.2	
5	MAB3	MAB3.0.arroz gb154 BE039995_T1	arroz	203		
6		MAB3.1.arroz gb157.2 BE039995_T1	arroz	204	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
7	MAB4	MAB4.0.arroz gb154 B1812277_T1	arroz	205		
8		MAB4.7.arroz gb157.2 B1812277_CT1	arroz		curado	
9	MAB5	MAB5.0.arroz gb154 CB624106_T1	arroz	206		
10	MAB6	MAB6.0.arabidopsis gb154 Z47404_T1	arabidopsis	207		
11	MAB7	MAB7.0.arabidopsis 6 AT5G47560.1	arabidopsis	208		
12		MAB7.1.arabidopsis gb165 AT5G47560_T1	arabidopsis	209	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
13	MAB8	MAB8.0.arroz gb154 BU672931_T1	arroz	210		
14		MAB8.7.arroz gb154 BU672931_T1	arroz		Bioinformática y curado ADN	
15	MAB9	MAB9.0.arabidopsis gb154 BE844934_T1	arabidopsis	211		
16	MAB10	MAB10.0.arabidopsis gb154 Z27056_T1	arabidopsis	212		
17	MAB11	MAB11.0.arabidopsis gb154 Z34014_T1	arabidopsis	213		

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
18		MAB11.1.arabidopsis gb165 AT5G52300_T1	arabidopsis	214	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
19	MAB12	MAB12.0.arabidopsis gb154 ATLTL40_T1	arabidopsis	215		
20		MAB12.1.arabidopsis gb165 AT5G52310_T1	arabidopsis	216	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
21	MAB13	MAB13.0.arabidopsis 6 AT2G38760.1	arabidopsis	217		
22		MAB13.1.arabidopsis gb165 AT2G38760_T1	arabidopsis	218	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
23	MAB14	MAB14.0.arroz gb154 AB042259_T1	arroz	219		
24		MAB14.1.arroz gb157.2 AB042259_T1	arroz	220	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
25	MAB15	MAB15.0.sorgo gb154 A1724695_T1	sorgo	221		
26	MAB16	MAB16.0.arroz gb154 BI795172_T1	arroz	222		
27		MAB16.1.arroz gb157.2 BI795172_T1	arroz	223	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
28	MAB17	MAB17.0.soja gb154 BE821839_T1	soja	224		
29	MAB18	MAB18.0.cebada gb154 BF625971_T1	cebada	225		
				226		Bioinformática de proteínas y curado de proteínas
30	MAB19	MAB19.0.sorgo gb154 A W563861_T1	sorgo	227		
31		MAB19.1.sorgo gb161.xeno AW563861_T1	sorgo	228	actualizado para producción gb161.xeno	actualizado para producción gb161.xeno
32	MAB20	MAB20.0.arabidopsis gb154 T04691_T1	arabidopsis	229		
33		MAB20.1.arabidopsis gb165 AT1G61890_T1	arabidopsis	230	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
34	MAB21	MAB21.0.arroz gb154 BE230053_T1	arroz	231		
35		MAB21.1.arroz gb157.2 BB230053_T1	arroz	232	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
36	MAB22	MAB22.0.tomate gb154 BG791299_T1	tomate	233		
				234		Curado
37	MAB23	MAB23.0.arroz gb154 BI305810_T1	arroz	235		
38	MAB24	MAB24.0.arroz gb154 BI808273_T1	arroz	236		
39		MAB24.7.arroz gb157.2 BI808273_CT1	arroz		curado	
40	MAB25	MAB25.0.arabidopsis 6 AT1G27760.1	arabidopsis	237		
41		MAB25.1.arabidopsis gb165 AT1G27760_T1	arabidopsis	238	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
42	MAB26	MAB26.0.arroz gb154 AW155625_T1	arroz	239		
43		MAB26.7.arroz gb157.2 BI305400_CT1	arroz		curado	
44	MAB27	MAB27.0.arabidopsis gb154 AY045660_T1	arabidopsis	240		
45		MAB27.7.arabidopsis gb165 AT5G24120_CT1	arabidopsis		curado	
46	MAB28	MAB28.0.arroz gb154 BI795108_T1	arroz	241		
47		MAB28.7.arroz gb157.2 BI795108_CT1	arroz		curado	
48	MAB29	MAB29.0.arabidopsis gb154 AU239137_T2	arabidopsis	242		
49		MAB29.1.arabidopsis gb165 AT2G25600_T1	arabidopsis	243	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
50	MAB30	MAB30.0.arabidopsis gb154 AY062542_T1	arabidopsis	244		
51		MAB30.7.arabidopsis gb165 AT1G70300_CT1	arabidopsis		Curado	
52	MAB31	MAB31.0.soja gb154 BI968709_T1	soja	245		

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
53		MAB31.7.sojalgb162 B1968709_CT1	soja	246	Curado	curado
54	MAB32	MAB32.0.arroz gb154 AF039532_T1	arroz	247		
55	MAB33	MAB33.0.maiz gb154 AI615215_T1	maíz	248		
56		MAB33.1.maiz gb164 AI615215_T1	maíz	249		actualizado para producción gb164
57	MAB34	MAB34.0.cebada gb154 TG_BF625450_T1	cebada	250		
58		MAB34.1.cebada gb 157.2 BF625450_T1	cebada	251	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
59	MAB35	MAB35.0.arabidopsis gb154 AA651513_T1	arabidopsis	252		
60		MAB35.1.arabidopsis gb165 AT2G16890_T1	arabidopsis	253	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
61	MAB36	MAB36.0.arabidopsis gb154 AU239340_T1	arabidopsis	254		
62		MAB36.1.arabidopsis gb165 AT4G27570_T1	arabidopsis	255	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
63	MAB37	MAB37.0.tomate gb154 BG125939_T1	tomate	256		
64		MAB37.7.tomate gb164 BG125939_CT1	tomate		curado	
65	MAB38	MAB3 8.0.trigo gb154 BE492836_T1	trigo	257		
66		MAB38.7.trigo gb164 BE492836_CT1	trigo	258	curado	curado
67	MAB39	MAB39.0.cebada gb154 AL500200_T1	cebada	259		
68		MAB39.1.cebada gb157.2 AL500200_T1	cebada	260	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
69	MAB40	MAB40.0.arroz gb154 AA754628_T1	arroz	261		
70		MAB40.7.arroz gb157.2 AA754628_CT1	arroz		curado	
71	MAB41	MAB41.0.tomate gb154 AI489494_T1	tomate	262		

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
72		MAB41.7.tomate gb164 A1489494_CT1	tomate		curado	
73	MAB42	MAB42.0.sorgo gb154 BE595950_T1	sorgo	263		
74		MAB42.7.sorgo gb161.xeno A1881418_CT1	sorgo	264	curado	curado
75	MAB43	MAB43.0.arabidopsis gb154 BE662945_T1	arabidopsis	265		
76		MAB43.1.arabidopsis gb165 AT5G26920_T1	arabidopsis	266	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
77	MAB44	MAB44.0.arabidopsis gb154 H36025_T1	arabidopsis	267		
78		MAB44.1.arabidopsis gb165 ATIG67360_T1	arabidopsis	268	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
79	MAB45	MAB45.0.trigo gb154 TG_BQ172359_T1	trigo	269		
80		MAB45.1.trigo gb164 BQ172359_T1	trigo	270	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
81	MAB46	MAB46.0.arabidopsis gb154 AA389812_T1	arabidopsis	271		
82	MAB47	MAB47.0.sorgo gb154 AW672286_T1	sorgo	272		
83		MAB47.7.sorgo gb161.xeno A1948276_CT1	sorgo	273	Curado	Curado
84	MAB48	MAB48.0.arroz gb154 BI802161_T1	arroz	274		
85		MAB48.7.arroz gb157.2-AU092454_CT1	arroz	275	curado	curado
86	MAB49	MAB49.0.maíz gb154 TG_A1621810_T1	maíz	276		
87		MAB49.7.maíz gb164 A1621810_CT1	maíz		Curado	
88	MAB50	MAB50.0.arabidopsis gb154 W43146_T1	arabidopsis	277		
89		MAB50.1.arabidopsis gb165 AT5G48570_T1	arabidopsis	278	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
90	MAB91	MAB91.0.arabidopsis gb154 AU236480_T1	arabidopsis	279		
				280		curado

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
91	MAB96	MAB96.0.arabidopsis gb154 Z27256_T1	arabidopsis	281		
92		MAB96.7.arabidopsis gb165 AT5G03800_CT1	arabidopsis	282	curado	curado
93	MAB99	MAB99.0.tomate gb154 BG735056_T1	tomate	283		
94	MAB100	MAB100.0.arabidopsis gb154 Z37259_T1	arabidopsis	284		
95		MAB100.1.arabidopsis gb165 AT1G01470_T1	arabidopsis	285	actualizado para producción gb165	actualizado para producción gb165
96	MAB104	MAB104.0.arroz gb154 BE039215_T1	arroz	286		
97		MAB104.1.arroz gb157.2 BE039215_T1	arroz	287	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
98	MAB121	MAB121.0.caña de azúcar gb157 CA079500_T1	caña de azúcar	288		
99		MAB121.1.caña de azúcar gb157.2 CA079500_T1	caña de azúcar	289	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
100	MAB122	MAB122.0.maíz gb154 AI901344_T9	maíz	290		
101	MAB123	MAB123.0.cebada gb157 BF626638_T1	cebada	291		
102		MAB123.1.cebada gb157.2 BF626638_T1	cebada	292	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
103	MAB124	MAB124.0.caña de azúcar gb157 CA284042_T1	caña de azúcar	293		
104		MAB124.1.caña de azúcar gb157.2 CA284042_T1	caña de azúcar	294	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
105	MAB125	MAB125.0.arroz gb157 CF957213_T1	arroz	295		
106		MAB125.1.arroz gb157.2 CF957213_T1	arroz	296	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
107	MAB126	MAB126.0.uva gb157 BQ797309_T1	uva	297		

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
108		MAB126.1.uva gb166 BQ797309_T1	uva	298	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
109	MAB127	MAB127.0.uva gb157 CB971532_T1	uva	299		
110		MAB127.1.uva gb160 CB971532_T1	uva	300	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
111	MAB128	MAB128.0.caña de azúcar gb157 CA142162_T1	caña de azúcar	301		
112		MAB128.1.caña de azúcar gb157.2 CA142162_T1	caña de azúcar	302	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
113	MAB129	MAB129.0.tomate gb157 AI486106_T1	tomate	303		
114		MAB129.1.tomate gb164 AI486106_T1	tomate	304	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
115	MAB130	MAB130.0.canola gb157 CD829694_T1	canola	305		
116	MAB131	MAB131.0.tomate gb157 AW928843_T1	tomate	306		
117		MAB131.1.tomate gb164 AW928843_T1	tomate	307	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
118	MAB132	MAB132.0.cebada gb157 BF621624_T1	cebada	308		
119	MAB133	MAB133.0.cebada gb157 BE411546_T1	cebada	309		
120		MAB133.Lcebada gb157.2 BE411546_T1	cebada	310	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
121	MAB134	MAB134.0.cebada gb157 BE437407_T1	cebada	311		
				312		bioinformática de proteínas y curado de proteínas
122	MAB135	MAB135.0.loto gb157 AI967693_T1	loto	313		
123		MAB135.1.loto gb157.2 AI967693_T1	loto	314	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
124	MAB136	MAB136.0.arroz gb157 AK058573_T1	arroz	315		
125		MAB136.1.arroz gb157.2 AK058573_T1	arroz	316	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
126	MAB137	MAB137.0.cebada gb157 AL508624_T1	cebada	317	de patente provisional	
127		MAB137.1.cebada gb157.2 AL508624_T1	cebada	318	actualizado para producción gb157.2	actualizado para gb157.2
128	MAB138	MAB138.0.patata gb157 BI177281_T1	patata	319	de patente provisional	
129		MAB138.1.patata gb157.2 BI177281_T1	patata	320	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
130	MAB139	MAB139.0.algodón gb157.2 AI727826_T1	algodón	321	de patente provisional	
131		MAB139.1.algodón gb164 AI727826_T1	algodón	322	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
132	MAB140	MAB140.0.cebada gb157 BI778498_T1	cebada	323	de patente provisional	
133		MAB140.1.cebada gb157.2 BI778498_T1	cebada	324	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
134	MAB141	MAB141.0.cebada gb157 BE421008_T1	cebada	325	de patente provisional	
135	MAB142	MAB142.0.algodón gb157.2 AI055631_T2	algodón	326	de patente provisional	
136		MAB142.0.algodón gb157.2 AI055631_T1	algodón	327	de patente provisional	
137		MAB142.1.algodón gb164 AW187041_T1	algodón	328	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
138	MAB143	MAB143.0.tomate gb157 AI487157_T1	tomate	329	de patente provisional	
139		MAB143.1.tomate gb164 AI487157_T1	tomate	330	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
140	MAB144	MAB144.0.uva gb157 CA814960_T1	uva	331	de patente provisional	

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
141		MAB144.1.uva gb160 CA814960_T1	uva	332	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
142	MAB145	MAB145.0.cebada gb157 BE413365_T1	cebada	333	de patente provisional	
143	MAB146	MAB146.0.tomate gb157 AI773927_T1	tomate	334	de patente provisional	
144		MAB146.1.tomate gb164 AI773927_T1	tomate	335	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
145	MAB147	MAB147.0.tabaco gb157 EB446189_T1	tabaco	336		
146		MAB147.1.tabaco gb162 EB446189_T1	tabaco	337	actualizado para producción gb162	actualizado para producción gb162
147	MAB148	MAB148.0.medicago gb157 AW256654_T1	medicago	338		
148		MAB148.1.medicago gb157.2 AW256654_T1	medicago	339	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
149	MAB150	MAB150.0.canola gb157 CD818831_T1	canola	340		
150		MAB150.1.canola gb161 CD818831_T1	canola	341	actualizado para producción gb161	actualizado para producción gb161
151	MAB151	MAB151.0.patata gb157 BQ513540_T1	patata	342		
152		MAB151.1.patata gb157.2 BQ513340_T1	patata	343	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
153	MAB152	MAB152.0.uva gb157 BQ798655_T1	uva	344		
154		MAB152.1.uva gb160 BQ798655_T1	uva	345	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
155	MAB153	MAB153.0.caña de azúcar gb157 BQ533857_T1	caña de azúcar	346		
156		MAB153.1.caña de azúcar gb157.2 BQ533857_T1	caña de azúcar	347	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
157	MAB154	MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T3	caña de azúcar	348		
158		MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T2	caña de azúcar	349		
159		MAB154.0.caña de azúcar gb157 BQ537570_T1	caña de azúcar	350		
160		MAB154.1.caña de azúcar gb157.2 BQ537570_T1	caña de azúcar	351	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
161	MAB155	MAB155.0.sorgo gb157 AW676730_T1	sorgo	352		
162		MAB155.1.sorgo gb161.xeno AW676730_T1	sorgo	353	actualizado para producción gb161.xeno	actualizado para producción gb161.xeno
163	MAB156	MAB156.0.tabaco gb157 AB117525_T1	tabaco	354		
164		MAB156.1.tabaco gb162 AB117525_T1	tabaco	355	actualizado para producción gb162	actualizado para producción gb162
165	MAB157	MAB157.0.caña de azúcar gb157 BQ533820_T2	caña de azúcar	356		
166		MAB157.0.caña de azúcar gb157 BQ533820_T1	caña de azúcar	357		
167		MAB157.1.caña de azúcar gb157.2 BQ533820_T1	caña de azúcar	358	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
168	MAB158	MAB158.0.algodón gb157.2 A1054450_T1	algodón	359		
169	MAB159	MAB159.0.canola gb157 CD819468_T1	canola	360		
170	MAB160	MAB160.0.cebada gb157 BF622450_T1	cebada	361		
171	MAB161	MAB161.0.álamo gb 157 BU896597_T1	álamo	362		
172		MAB161.1.álamo gb157.2 BU896597_T1	álamo	363	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
173	MAB162	MAB162.0.caña de azúcar gb157 BU102611_T1	caña de azúcar	364		
174		MAB162.1.caña de azúcar gb157.2 BU102611_T1	caña de azúcar	365	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
175	MAB163	MAB163.0.cebada gb157 AL501813_T1	cebada	366		
176		MAB163.1.cebada gb157.2 AL501813_T1	cebada	367	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
177	MAB164	MAB164.0.cebada gb157 BF253543_T1	cebada	368		
178		MAB164.1.cebada gb157.2 BF253543_T1	cebada	369	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
179	MAB165	MAB165.0.uva gb157 BQ793123_T1	uva	370		
180	MAB166	MAB166.0.álamo gb157 CV228694_T1	álamo	371		
181		MAB166.1.álamo gb157.2 CV228694_T1	álamo	372	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
182	MAB167	MAB167.0.canola gb157 CX278043_T1	canola	373		
183		MAB167.1.canola gb161 CX278043_T1	canola	374	actualizado para producción gb161	actualizado para producción gb161
184	MAB168	MAB168.0.uva gb157 BG273815_T1	uva	375		
185		MAB168.1.uva gb160 BG273815_T1	uva	376	actualizado para producción gb160	actualizado para producción gb160
186	MAB169	MAB169.0.algodón gb157.2 COTLEA14B_T1	algodón	377		
187		MAB169.1.algodón gb164 COTLEA14B_T1	algodón	378	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
188	MAB170	MAB170.0.cebada gb157 BE412505_T1	cebada	379		
189		N4AB170.1.cebada gb157.2 BE412505_T1	cebada	380	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2

Genes de TEAB identificados						
SEQ ID NO: Polinucleótido	Nombre del gen	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO: Polipéptido	Descripción del polinucleótido	Descripción del polipéptido
190	MAB171	MAB171.0.caña de azúcar gb157 CA123631_T1	caña de azúcar	381		
191		MAB171.1.caña de azúcar gb157.2 CA123631_T1	caña de azúcar	382	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
192	MAB172	MAB172.0.caña de azúcar gb157 BQ478980_T1	caña de azúcar	383		
193		MAB172.0.caña de azúcar gb157 BQ478980_T2	caña de azúcar	384		
194	MAB173	MAB173.0.cebada gb157 BY836652_T1	cebada	385		
195		NMB173.1.cebada gb17.2 BY836652_T1	cebada	386	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
196	MAB174	MAB174.0.cebada gb157 BG342904_T1	cebada	387		
197		MAB174.1.cebada gb157.2 BG342904_T1	cebada	388	actualizado para producción gb157.2	actualizado para producción gb157.2
198	MAB175	MAB175.0.tomate gb157 BG126606_T1	tomate	389		
199		MAB175.0.tomate gb157 BG126606_T2	tomate	390		
200		MAB175.1.tomate gb164 BG126606_T1	tomate	391	actualizado para producción gb164	actualizado para producción gb164
1653	MAB66	MAB66.0.tomate gb164 BG124832_CT1	tomate	1651		
Tabla 1.						

Se han identificado polinucleótidos y polipéptidos con homología significativa a los genes de TEAB identificados de las bases de datos usando el software BLAST usando el algoritmo BlastX. Las secuencias de búsqueda de nucleótidos fueron SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 19, 21, 23, 25, 26, 28, 29, 30, 32, 34, 36, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 88, 90, 91, 93, 94, 96, 98, 100, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 118, 119, 121, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 138, 140, 142, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 161, 163, 165, 168, 169, 170, 171, 173, 175, 177, 179, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 y 1653, y los homólogos de TEAB identificados se proporcionan en la Tabla 2, a continuación.

Tabla 2

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
392	manzana gb157.3 CN444532_T1	manzana	961	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	85
393	manzana gb157.3 CN445371_T1	manzana	962	Seq376.MAB168.15.uva	87
394	manzana gb157.3 CN878026_T1	manzana	963	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	80
395	manzana gb137.3 CK900582_T1	manzana	964	Seq321.MAB139.15.algodón	85
396	manzana gb157.3 CN888579_T2	manzana	965	Seq256.MAB37.15.tomate	86
397	manzana gb157.3 CN888579_T3	manzana	966	Seq256.MAB37.15.tomate	81
398	manzana gb157.3 CO066535_T1	manzana	967	Seq370.MAB165.15.uva	84
399	manzana gb157.3 CN888579_T1	manzana	968	Seq256.MAB37.15.tomate	86
400	manzana gb157.3 CN496860_T1	manzana	969	Seq321.MAB139.15.algodón	81
401	albaricoque gb157.2 BQ134642_T1	albaricoque	970	Seq329.MAB143.15.tomate	82
402	albaricoque gb157.2 CB822088_T1	albaricoque	971	Seq256.MAB37.15.tomate	88
403	aquilegia gb157.3 DR915383_T1	aquilegia	972	Seq321.MAB139.15.algodón	83
404	aquilegia gb157.3 DR913600_T1	aquilegia	973	Seq344.MAB152.15.uva	83
405	aquilegia gb157.3 DR920101_T1	aquilegia	974	Seq370.MAB165.15.uva	87
406	aquilegia gb157.3 DT727583_T1	aquilegia	975	Seq311.MAB134.15.cebada	80
407	aquilegia gb157.3 DR918523_T1	aquilegia	976	Seq376.MAB168.15.uva	82
408	arabidopsis gb165 AT1G67890_T2	arabidopsis	977	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
409	arabidopsis gb165 AT1G78070_T2	arabidopsis	978	Seq207.MAB6.15.arabidopsis	97
410	arabidopsis gb165 AT1G52890_T3	arabidopsis	979	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	85
411	arabidopsis gb165 AT3g06620_T1	arabidopsis	980	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	80

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
412	arabidopsis gb165 AT1G67890_T1	arabidopsis	981	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
413	arabidopsis gb165 AT5G14860_T1	arabidopsis	982	Seq341.MAB150.15.canola	80
414	arabidopsis gb165 AT5G49470_T2	arabidopsis	983	Seq263.MAB42.15.sorgo	81
415	arabidopsis gb165 AT5G49470_T1	arabidopsis	984	Seq263.MAB42.15.sorgo	81
416	arabidopsis gb165 AT3_g24170_T1	arabidopsis	985	Seq376.MAB168.15.uva	80
417	arabidopsis gb165 AT1G11670_T1	arabidopsis	986	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	84
418	arabidopsis gb165 AT3_g25230_T1	arabidopsis	987	Seq370.MAB165.15.uva	80
419	arabidopsis gb165 AT4G32500_T2	arabidopsis	988	Seq242.MAB29.15.arabidopsis	81
420	arabidopsis gb165 AT5G06760_T1	arabidopsis	989	Seq373.MAB167.15.canola	84
421	arabidopsis gb165 AT4G27410_T3	arabidopsis	990	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	94
422	arabidopsis gb165 AT4G27560_T1	arabidopsis	991	Seq254.MAB36.15.arabidopsis	94
423	artemisia gb164 EY047508_T1	artemisia	992	Seq321.MAB139.15.algodón	80
424	artemisia gb164 EY060376_T1	artemisia	993	Seq376.MAB168.15.uva	85
425	artemisia gb164 EY089381_T1	artemisia	994	Seq256.MAB37.15.tomate	86
426	artemisia gb164 EY042537_T1	artemisia	995	Seq349.MAB154.15.caña de azúcar	80
427	b_junceal gb164 EVGN00102008310737_T1	b_juncea	996	Seq360.MAB159.15.canola	97
428	b_junceal gb164 EVGN08486004170336_T1	b_juncea	997	Seq373.MAB167.15.canola	94
429	b_junceal gb164 EVGN00429914360666_T1	b_juncea	998	Seq370.MAB165.15.uva	83
430	b_junceal gb164 EVGN00258430752139P1_T1	b_juncea	999	Seq376.MAB168.15.uva	80
431	b_junceal gb164 EVGN01568909822952_T1	b_juncea	1000	Seq373.MAB167.15.canola	98
432	b_oleraceal gb161 DY029719_T1	b_oleracea	1001	Seq370.MAB165.15.uva	82

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
433	b_oleracealgb161 AM385106_T1	b_oleracea	1002	Seq360.MAB159.15.canola	96
434	b_oleracealgb161 AM387179_T1	b_oleracea	1003	Seq360.MAB159.15.canola	91
435	b_oleracealgb161 AM061306_T1	b_oleracea	1004	Seq284.MAB100.15.arabido	86
436	b_oleracealgb161 AB125639_T1	b_oleracea	1005	Seq376.MAB168.15.uva	80
437	b_rapalgb162 EE523634_T1	b_rapa	1006	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	92
438	b_rapalgb162 EX024909_T1	b_rapa	1007	Seq217.MAB13.15.arabidopsis	83
439	b_rapalgb162 EX070158_T2	b_rapa	1008	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	95
440	b_rapalgb162 CA992067_T1	b_rapa	1009	Seq360.MAB159.15.canola	94
441	b_rapalgb162 EE520623_T1	b_rapa	1010	Seq280.MAB91.10.arabidopsis	89
442	b_rapalgb162 CV545896_T1	b_rapa	1011	Seq208.MAB7.15.arabidopsis	88
443	b_rapalgb162 CO749564_T1	b_rapa	1012	Seq370.MAB165.15.uva	82
444	b_rapalgb162 CV434105_T1	b_rapa	1013	Seq217.MAB13.15.arabidopsis	83
445	b_rapalgb162 AF008441_T1	b_rapa	1014	Seq376.MAB168.15.uva	80
446	b_rapalgb162 EX070158_T1	b_rapa	1015	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	86
447	b_rapalgb162 EX088727_T1	b_rapa	1016	Seq271.MAB46.15.arabidopsis	93
448	b_rapalgb162 BG544469_T1	b_rapa	1017	Seq360.MAB159.15.canola	82
449	b_rapalgb162 DN962625_T1	b_rapa	1018	Seq237.MAB25.15.arabidopsis	85
450	b_rapalgb162 CV544672_T1	b_rapa	1019	Seq284.MAB100.15.arabidopsis	88
451	cebada gb157.2 BI947678_T1	cebada	1020	Seq368.MAB164.15.cebada	92
452	cebada gb157.2 AV835424_T1	cebada	1021	Seq257.MAB38.15.trigo	97
453	cebada gb157.2 BE455969_T1	cebada	1022	Seq290.MAB122.15.maíz	84

<i>Homólogos de genes de TEAB</i>					
<i>SEQ ID NO de polinucleótido:</i>	<i>Nombre del grupo</i>	<i>Organismo</i>	<i>SEQ ID NO de polipéptido:</i>	<i>Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido</i>	<i>% de identidad global</i>
454	cebada gb157.2 BE519575_T2	cebada	1023	Seq263.MAB42.15.sorgo	81
455	cebada gb157.2 BF625959_T1	cebada	1024	Seq221.MAB15.15.sorgo	83
456	cebada gb157.2 BQ461470_T1	cebada	1025	Seq356.MAB157.15.caña de azúcar	82
457	basilicum gb157.3 DY333033_T1	basilicum	1026	Seq256.MAB37.15.tomate	87
458	judía gb164 CB542809_T1	judía	1027	Seq376.MAB168.15.uva	80
459	judía gb164 CV529652_T1	judía	1028	Seq370.MAB165.15.uva	83
460	judía gb164 CB543453_T1	judía	1029	Seq368.MAB164.15.cebada	80
461	judía gb164 CV535253_T1	judía	1030	Seq256.MAB37.15.tomate	88
462	remolacha gb162 BQ592516_T1	remolacha	1031	Seq256.MAB37.15.tomate	86
463	remolacha gb162 BQ488223_T1	remolacha	1032	Seq211.MAB9.15.arabidopsi	88
464	remolacha gb162 BQ583768_T1	remolacha	1033	Seq385.MAB173.15.cebada	85
465	remolacha gb162 BQ591963_T1	remolacha	1034	Seq368.MAB164.15.cebada	80
466	brachipodium gb161.xeno BE519575_T1	brachipodium	1035	Seq356.MAB157.15.caña de azúcar	85
467	brachipodium gb161.xeno BG368321_T1	brachipodium	1036	Seq247.MAB32.15.arroz	81
468	brachipodium gb161.xeno BE400652_T1	brachipodium	1037	Seq368.MAB164.15.cebada	95
469	brachipodium gb161.xeno AL502884_T1	brachipodium	1038	Seq210.MAB8.15.arroz	82
470	brachipodium gb161.xeno BY836652_T1	brachipodium	1039	Seq385.MAB173.15.cebada	90
471	brachipodium gb161.xeno BE44917_T1	brachipodium	1040	Seq309.MAB133.15.cebada	93
472	brachipodium gb161.xeno BF202082_T1	brachipodium	1041	Seq291.MAB123.15.cebada	83
473	brachipodium gb161.xeno BE406378_T1	brachipodium	1042	Seq219.MAB14.15.arroz	80
474	brachipodium gb161.xeno BE517562_T1	brachipodium	1043	Seq366.MAB163.15.cebada	85

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
475	brachipodium gb161.xeno BE420294_T1	brachipodium	1044	Seq290.MAB122.15.maiz	85
476	brachipodium gb161.xeno BG369416_T1	brachipodium	1045	Seq270.MAB45.15.trigo	89
477	brachipodium gb161.xeno BE406039_T2	brachipodium	1046	Seq241.MAB28.15.arroz	93
478	brachipodium gb161.xeno BE418087_T1	brachipodium	1047	Seq325.MAB141.15.cebada	86
479	brachipodium gb161.xeno BE470780_T1	brachipodium	1048	Seq221.MAB15.15.sorgo	81
480	brachipodium gb161.xeno AV835424_T1	brachipodium	1049	Seq257.MAB38.15.trigo	93
481	brachipodium gb161.xeno BE398656_T1	brachipodium	1050	Seq308.MAB132.15.cebada	93
482	brachipodium gb161.xeno BE437407_T1	brachipodium	1051	Seq311.MAB134.15.cebada	98
483	brachipodium gb161.xeno BE406039_T3	brachipodium	1052	Seq333.MAB145.15.cebada	81
484	brachipodium gb161.xeno BE490408_T1	brachipodium	1053	Seq264.MAB42.10.sorgo	80
485	brachipodium gb161.xeno BE403745_T1	brachipodium	1054	Seq379.MAB170.15.cebada	92
486	brachipodium gb161.xeno BE490591_T1	brachipodium	1055	Seq366.MAB163.15.cebada	87
487	brachipodium gb161.xeno BQ461470_T2	brachipodium	1056	Seq356.MAB157.15.caña de azúcar	85
488	brachipodium gb161.xeno BE517562_T2	brachipodium	1057	Seq366.MAB163.15.cebada	83
489	brachipodium gb161.xeno BE413341_T1	brachipodium	1058	Seq336.MAB147.15.tabaco	80
490	brachipodium gb161.xeno BE515529_T1	brachipodium	1059	Seq259.MAB39.15.cebada	96
491	brachipodium gb161.xeno DV471778_T1	brachipodium	1060	Seq348.MAB154.15.caña de azúcar	83
492	canola gb161 EL587045_T1	canola	1061	Seq277.MAB50.15.arabidopsis	87
493	canola gb161 CX279297_T1	canola	1062	Seq280.MAB91.10.arabidopsis	85
494	canola gb161 CD815143_T1	canola	1063	Seq222.MAB16.15.arroz	80
495	canola gb161 CD831036_T1	canola	1064	Seq284.MAB100.15.arabidopsis	86

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
496	canola gb161 EE466962_T1	canola	1065	Seq360.MAB159.15.canola	83
497	canola gb161 CN726580_T1	canola	1066	Seq305.MAB130.15.canola	89
498	canola gb161 CD829644_T1	canola	1067	Seq373.MAB167.15.canola	86
499	canola gb161 AY245887_T1	canola	1068	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	87
500	canola gb161 EE411591_T1	canola	1069	Seq207.MAB6.15.arabidopsis	88
501	canola gb161 DY020345_T1	canola	1070	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	92
502	canola gb161 CD820718_T1	canola	1071	Seq360.MAB159.15.canola	95
503	canola gb161 CX189134_T1	canola	1072	Seq221.MAB15.15.sorgo	81
504	canola gb161 EG021120_T1	canola	1073	Seq360.MAB159.15.canola	83
505	canola gb161 ES906182_T1	canola	1074	Seq244.MAB30.15.arabidopsis	92
506	canola gb161 ES911977_T1	canola	1075	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	88
507	canola gb161 CD81410_T1	canola	1076	Seq217.MAB13.15.arabidopsis	81
508	canola gb161 ES904177_T1	canola	1077	Seq208.MAB7.15.arabidopsis	87
509	canola gb161 CD813775_T1	canola	1078	Seq370.MAB165.15.uva	82
510	canola gb161 CD824419_T1	canola	1079	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	94
511	canola gb161 CD825454_T1	canola	1080	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	90
512	canola gb161 CD834184_T1	canola	1081	Seq284.MAB100.15.arabidopsis	88
513	canola gb161 EE469078_T1	canola	1082	Seq370.MAB165.15.uva	83
514	canola gb161 GFXAJ53511X1_T1	canola	1083	Seq305.MAB130.15.canola	99
515	canola gb161 EE448267_T1	canola	1084	Seq222.MAB16.15.arroz	80
516	canola gb161 CX193415_T1	canola	1085	Seq237.MAB25.15.arabidopsis	85

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
517	canola gb161 CD813278_T1	canola	1086	Seq375.MAB168.15.uva	80
518	colza gb160 MDL28401M000077_T1	colza	1087	Seq370.MAB165.15.uva	86
519	colza gb160 EE258294_T1	colza	1088	Seq256.MAB37.15.tomate	87
520	colza gb160 MDL28066M000021_T1	colza	1089	Seq370.MAB165.15.uva	85
521	colza gb160 AM267339_T1	colza	1090	Seq222.MAB16.15.arroz	80
522	colza gb160 EG659656_T1	colza	1091	Seq376.MAB168.15.uva	83
523	colza gb160 EG656754_T1	colza	1092	Seq263.MAB42.15.sorgo	82
524	colza gb160 EE259826_T1	colza	1093	Seq362.MAB161.15.álamo	83
525	colza gb160 EG659299_T1	colza	1094	Seq300.MAB127.15.uva	81
526	colza gb160 EE259565_T1	colza	1095	Seq276.MAB49.15.maíz	80
527	colza gb160 EE255133_T1	colza	1096	Seq321.MAB139.15.algodón	84
528	colza gb160 MDL29822M003364_T1	colza	1097	Seq336.MAB147.15.tabaco	82
529	colza gb160 EG661241_T1	colza	1098	Seq371.MAB166.15.álamo	85
530	centaurea gb161 EH713943_T1	centaurea	1099	Seq321.MAB139.15.algodón	82
531	centaurea gb161 EH724589_T1	centaurea	1100	Seq256.MAB37.15.tomate	84
532	centaurea gb161 EH717520_T1	centaurea	1101	Seq329.MAB143.15.tomate	80
533	centaurea gb161 EH711566_T1	centaurea	1102	Seq370.MAB165.15.uva	81
534	centaurea gb161 EH713337_T1	centaurea	1103	Seq259.MAB39.15.cebada	81
535	centaurea gb161 EH713628_T1	centaurea	1104	Seq376.MAB168.15.uva	83
536	centaurea gb161 EH738263-T1	centaurea	1105	Seq385.MAB173.15.cebada	80
537	centaurea gb161 EH727723_T1	centaurea	1106	Seq256.MAB37.15.tomate	84

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
538	cichorium gb161 DT212291_T1	cichorium	1107	Seq370.MAB165.15.uva	80
539	cichorium gb161 DT211081_T1	cichorium	1108	Seq376.MAB168.15.uva	83
540	cichorium gb161 EH692437_T1	cichorium	1109	Seq256.MAB37.15.tomate	86
541	cichorio gb161 DT212218_T1	cichorium	1110	Seq256.MAB37.15.tomate	89
542	cítrico gb157.2 CB290836T1	cítrico	1111	Seq376.MAB168.15.uva	85
543	cítrico gb157.2 BQ624861_T1	cítrico	1112	Seq276.MAB49.15.maíz	82
544	cítrico gb157.2 BQ624727_T1	cítrico	1113	Seq370.MAB165.15.uva	85
545	cítrico gb157.2 CB290836_T2	cítrico	1114	Seq376.MAB168.15.uva	86
546	cítrico gb157.2 CX672218_T2	cítrico	1115	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	83
547	cítrico gb157.2 CF504250_T1	cítrico	1116	Seq222.MAB16.15.arroz	82
548	cítrico gb157.2 CK933948_T1	cítrico	1117	Seq256.MAB37.15.tomate	86
549	trébol gb162 BB926896_T1	trébol	1118	Seq256.MAB37.15.tomate	82
550	trébol gb162 BB904696_T1	trébol	1119	Seq263.MAB42.15.sorgo	84
551	cofea gb157.2 DV676382_T1	cofea	1120	Seq256.MAB37.15.tomate	91
552	cofea gb157.2 DV688680_T1	cofea	1121	Seq332.MAB144.15.uva	83
553	cofea gb157.2 DQ124044_T1	cofea	1122	Seq303.MAB129.15.tomate	80
554	algodón gb164 BF268276_T1	algodón	1123	Seq370.MAB165.15.uva	84
555	algodón gb164 CO113031_T1	algodón	1124	Seq319.MAB138.15.patata	80
556	algodón gb164 AI730186_T1	algodón	1125	Seq256.MAB37.15.tomate	81
557	algodón gb164 CO103100_T1	algodón	1126	Seq256.MAB37.15.tomate	86
558	algodón gb164 BE051970_T1	algodón	1127	Seq370.MAB165.15.uva	84

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
559	algodón gb164 AI725698_T1	algodón	1128	Seq376.MAB168.15.uva	85
560	algodón gb164 AI728290_T1	algodón	1129	Seq370.MAB165.15.uva	82
561	algodón gb164 AI055482_T1	algodón	1130	Seq370.MAB165.15.uva	85
562	algodón gb164 ES794517_T1	algodón	1131	Seq327.MAB142.15.algodón	81
563	algodón gb164 BF268276_T2	algodón	1132	Seq370.MAB165.15.uva	84
564	algodón gb164 CO109448_T1	algodón	1133	Seq376.MAB168.15.uva	83
565	algodón gb164 DT459182_T1	algodón	1134	Seq375.MAB168.15.uva	84
566	algodón gb164 BG441162_T1	algodón	1135	Seq256.MAB37.15.tomate	85
567	guisante pinto gb165 FF390508_T1	guisante pinto	1136	Seq256.MAB37.15.tomate	84
568	guisante pinto gb165 FF390203_T1	guisante pinto	1137	Seq259.MAB39.15.cebada	86
569	guisante pinto gb165 DQ267475_T1	guisante pinto	1138	Seq376.MAB168.15.uva	83
570	guisante pinto gb165 FF382851_T1	guisante pinto	1139	Seq224.MAB17.15.soja	89
571	guisante pinto gb165 FF394009_T1	guisante pinto	1140	Seq370.MAB165.15.uva	85
572	diente de león gb161 DQ160099_T1	diente de león	1141	Seq376.MAB168.15.uva	82
573	diente de león gb161 DY823013_T1	diente de león	1142	Seq256.MAB37.15.tomate	82
574	diente de león gb161 DY820394_T2	diente de león	1143	Seq256.MAB37.15.tomate	88
575	diente de león gb161 DY813450_T2	diente de león	1144	Seq256.MAB37.15.tomate	85
576	diente de león gb161 DY820394_T1	diente de león	1145	Seq256.MAB37.15.tomate	87
577	festuca gb161 DT687914_T1	festuca	1146	Seq290.MAB122.15.maíz	93
578	festuca gb161 DT702477_T1	festuca	1147	Seq291.MAB123.15.cebada	87
579	festuca gb161 DT705881_T1	festuca	1148	Seq311.MAB134.15.cebada	96

<i>Homólogos de genes de TEAB</i>					
<i>SEQ ID NO de polinucleótido:</i>	<i>Nombre del grupo</i>	<i>Organismo</i>	<i>SEQ ID NO de polipéptido:</i>	<i>Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido</i>	<i>% de identidad global</i>
580	festuca gb161 DT687914_T1	festuca	1149	Seq321.MAB139.15.algodon	82
581	festuca gb161 DT699000_T1	festuca	1150	Seq309.MAB133.15.cebada	90
582	festuca gb161 DT706685_T1	festuca	1151	Seq259.MAB39.15.cebada	96
583	festuca gb161 DT698326_T1	festuca	1152	Seq368.MAB164.15.cebada	95
584	festuca gb161 DT677453_T1	festuca	1153	Seq379.MAB170.15.cebada	95
585	festuca gb161 DT674734_T1	festuca	1154	Seq333.MAB145.15.cebada	88
586	gengibre gb164 DY377113_T1	gengibre	1155	Seq223.MAB16.15.arroz	81
587	uva gb160 BQ792651_T1	uva	1156	Seq222.MAB16.15.arroz	84
588	uva gb160 BQ793581_T1	uva	1157	Seq371.MAB166.15.álamo	80
589	maravilla gb164 BM658279_T1	maravilla	1158	Seq376.MAB168.15.uva	83
590	maravilla gb164 BE034140_T1	maravilla	1159	Seq303.MAB129.15.tomate	81
591	ipomoea gb157.2 AU224303_T1	ipomoea	1160	Seq256.MAB37.15.tomate	91
592	ipomoea gb157.2 AU224807_T1	ipomoea	1161	Seq385.MAB173.15.cebada	80
593	ipomoea gb157.2 CJ758382_T1	ipomoea	1162	Seq371.MAB166.15.álamo	83
594	lechuga gb157.2 DW048067_T1	lechuga	1163	Seq256.MAB37.15.tomate	87
595	lechuga gb157.2 DW046482_T1	lechuga	1164	Seq256.MAB37.15.tomate	85
596	lechuga gb157.2 DW062524_T1	lechuga	1165	Seq259.MAB39.15.cebada	81
597	lechuga gb157.2 DW048641_T1	lechuga	1166	seq370.MAB165.15.uva	80
598	lechuga gb157.2 DW055618_T1	lechuga	1167	Seq371.MAB166.15.álamo	80
599	lechuga gb157.2 DY961700_T2	lechuga	1168	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	83
600	lechuga gb157.2 DW075962_T1	lechuga	1169	Seq256.MAB37.15.tomate	87

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
601	lechuga gb157.2 DW047202_T1	lechuga	1170	Seq376.MAB168.15.uva	83
602	loto gb157.2 BF177835_T1	loto	1171	Seq256.MAB37.15.tomate	90
603	loto gb157.2 BW601503_T1	loto	1172	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	84
604	maíz gb164 T15319_T2	maíz	1173	Seq276.MAB49.15.maíz	96
605	maíz gb164 AI649734_T1	maíz	1174	Seq264.MAB42.10.sorgo	90
606	maíz gb164 BE638692_T1	maíz	1175	Seq228.MAB19.15.sorgo	88
607	maíz gb164 AW498283_T1	maíz	1176	Seq210.MAB8.15.arroz	80
608	maíz gb164 AI622375_T1	maíz	1177	Seq309.MAB133.15.cebada	90
609	maíz gb164 BQ034409_T1	maíz	1178	Seq290.MAB122.15.maíz	100
610	maíz gb164 EC895235_T1	maíz	1179	Seq210.MAB8.15.arroz	86
611	maíz gb164 AI947795_T2	maíz	1180	Seq325.MAB141.15.cebada	80
612	maíz gb164 AI947974_T1	maíz	1181	Seq227.MAB19.15.sorgo	93
613	maíz gb164 AI619086_T1	maíz	1182	Seq346.MAB153.15.caña de azúcar	95
614	maíz gb164 AA143925_T1	maíz	1183	Seq221.MAB15.15.sorgo	94
615	maíz gb164 AW179463_T1	maíz	1184	Seq321.MAB139.15.algodón	82
616	maíz gb164 BE051802_T1	maíz	1185	Seq231.MAB21.15.arroz	89
617	maíz gb164 AI942091_T1	maíz	1186	Seq309.MAB133.15.cebada	89
618	maíz gb164 AI944064_T1	maíz	1187	Seq383.MAB172.15.caña de azúcar	96
619	maíz gb164 T15319_T1	maíz	1188	Seq276.MAB49.15.maíz	96
620	maíz gb164 AI782993_T1	maíz	1189	Seq241.MAB28.15.arroz	82
621	maíz gb164 T26945_T1	maíz	1190	Seq370.MAB165.15.uva	80

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
622	maíz gb164 AI941749_T1	maíz	1191	Seq269.MAB45.15.trigo	91
623	maíz gb164 AI891255_T1	maíz	1192	Seq311.MAB134.15.cebada	95
624	maíz gb164 CD975046_T1	maíz	1193	Seq203.MAB3.15.arroz	88
625	maíz gb164 AW360563_T1	maíz	1194	Seq241.MAB28.15.arroz	81
626	maíz gb164 AI901860_T1	maíz	1195	Seq259.MAB39.15.cebada	85
627	maíz gb164 AI948098_T1	maíz	1196	Seq381.MAB171.15.caña de azúcar	95
628	maíz gb164 AI444730_T1	maíz	1197	Seq241.MAB28.15.arroz	83
629	maíz gb164 AW216308_T1	maíz	1198	Seq288.MAB121.15.caña de azúcar	89
630	maíz gb164 BM268089_T1	maíz	1199	Seq381.MAB171.15.caña de azúcar	92
631	maíz gb164 AI438597_T1	maíz	1200	Seq352.MAB155.15.sorgo	91
632	maíz gb164 AW927739_T1	maíz	1201	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	97
633	maíz gb164 AI891255_T2	maíz	1202	Seq311.MAB134.15.cebada	95
634	maíz gb164 AI920760_T1	maíz	1203	Seq286.MAB104.15.arroz	89
635	medicago gb157.2 AI974487_T1	medicago	1204	Seq370.MAB165.15.uva	87
636	medicago gb157.2 BE325770_T1	medicago	1205	Seq256.MAB37.15.tomate	88
637	medicago gb157.2 AW685603_T1	medicago	1206	Seq376.MAB168.15.uva	82
638	medicago gb157.2 AL368329_T1	medicago	1207	Seq311.MAB134.15.cebada	80
639	medicago gb157.2 AW688497_T1	medicago	1208	Seq370.MAB165.15.uva	80
640	medicago gb157.2 AL377093_T1	medicago	1209	Seq224.MAB17.15 soja	80
641	medicago gb157.2 AI974241_T1	medicago	1210	Seq334.MAB146.15.tomate	83
642	medicago gb157.2 BF632135_T1	medicago	1211	Seq344.MAB152.15.uva	85

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
643	melón gb165 DV633691_T1	melón	1212	Seq376.MAB168.15.uva	80
644	melón gb165 DV632564_T1	melón	1213	Seq368.MAB164.15.cebada	80
645	melón gb165 DV633584_T1	melón	1214	Seq344.MAB152.15.uva	86
646	melón gb165 AM714958_T1	melón	1215	Seq259.MAB39.15.cebada	81
647	nicotiana_benthiana gb162 EH364164_T1	nicotiana_benthiana	1216	Seq256.MAB37.15.tomate	95
648	avena gb164 CN816769_T1	avena	1217	Seq368.MAB164.15.cebada	94
649	avena gb164 BE439108_T1	avena	1218	Seq312.MAB134.10.cebada	85
650	cebolla gb162 CF437899_T1	cebolla	1219	Seq256.MAB37.15.tomate	81
651	cebolla gb162 CF437716_T1	cebolla	1220	Seq276.MAB49.15.maíz	82
652	cebolla gb162 CF439314_T1	cebolla	1221	Seq370.MAB165.15.uva	80
653	papaya gb165 EX245596_T1	papaya	1222	Seq370.MAB165.15.uva	88
654	papaya gb165 EX299345_T1	papaya	1223	Seq263.MAB42.15.sorgo	82
655	papaya gb165 EX248971_T1	papaya	1224	Seq362.MAB161.15.álamo	86
656	papaya gb165 EX227965_T1	papaya	1225	Seq332.MAB144.15.uva	83
657	papaya gb165 EX264060_T1	papaya	1226	Seq376.MAB168.15.uva	89
658	papaya gb165 EX291966_T1	papaya	1227	Seq370.MAB165.15.uva	82
659	melocotón gb157.2 BU039922_T1	melocotón	1228	Seq300.MAB127.15.uva	82
660	melocotón gb157.2 BU039373_T1	melocotón	1229	Seq370.MAB165.15.uva	83
661	melocotón gb157.2 AJ631618_T1	melocotón	1230	Seq276.MAB49.15.maíz	80
662	melocotón gb157.2 BU040470_T1	melocotón	1231	Seq376.MAB168.15.uva	89
663	melocotón gb157.2 BU039381_T1	melocotón	1232	Seq256.MAB37.15.tomate	88

<i>Homólogos de genes de TEAB</i>					
<i>SEQ ID NO de polinucleótido:</i>	<i>Nombre del grupo</i>	<i>Organismo</i>	<i>SEQ ID NO de polipéptido:</i>	<i>Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido</i>	<i>% de identidad global</i>
664	cacahuete gb161 ES754023_T1	cacahuete	1233	Seq332.MAB144.15.uva	80
665	cacahuete gb161 EH043199_T1	cacahuete	1234	Seq256.MAB37.15.tomate	88
666	pimiento gb157.2 BM063531_T1	pimiento	1235	Seq256.MAB37.15.tomate	96
667	pimiento gb157.2 BM062846_T1	pimiento	1236	Seq221.MAB15.15.sorgo	82
668	pimiento gb157.2 BM061776_T1	pimiento	1237	Seq329.MAB143.15.tomate	90
669	pimiento gb157.2 BM064151_T1	pimiento	1238	Seq306.MAB131.15.tomate	88
670	pimiento gb157.2 BM061313_T1	pimiento	1239	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	86
671	pimiento gb157.2 BI480604_T1	pimiento	1240	Seq276.MAB49.15.maiz	80
672	violeta gb164 EG559012_T1	violeta	1241	Seq259.MAB39.15.cebada	80
673	petunia gb157.2 CV292753_T1	petunia	1242	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
674	petunia gb157.2 CV298220_T1	petunia	1243	Seq283.MAB99.15.tomate	81
675	pinol gb157.2 DR088714_T1	pino	1244	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	80
676	pinol gb157.2 AW290504_T1	pino	1245	Seq344.MAB152.15.uva	82
677	piña gb157.2 CO731309_T1	piña	1246	Seq222.MAB16.15.arroz	83
678	piña gb157.2 DT336648_T1	piña	1247	Seq376.MAB168.15.uva	81
679	piña gb157.2 CO731994_T1	piña	1248	Seq219.MAB14.15.arroz	80
680	álamo gb157.2 AI162293_T1	álamo	1249	Seq298.MAB126.15.uva	82
681	álamo gb157.2 AI165439_T1	álamo	1250	Seq298.MAB126.15.uva	80
682	álamo gb157.2 AI162293_T3	álamo	1251	Seq298.MAB126.15.uva	80
683	álamo gb157.2 BI120274_T3	álamo	1252	Seq256.MAB37.15.tomate	81
684	álamo gb157.2 BI120274_T2	álamo	1253	Seq344.MAB152.15.uva	89

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
685	álamo gb157.2 BF299457_T1	álamo	1254	Seq370.MAB165.15.uva	85
686	álamo gb157.2 B1120274_T1	álamo	1255	Seq344.MAB152.15.uva	86
687	álamo gb157.2 B1122516_T1	álamo	1256	seq162.MAB161.15.álamo	90
688	álamo gb157.2 BU821689_T1	álamo	1257	Seq321.MAB139.15.algodón	81
689	álamo gb157.2 A1166955_T1	álamo	1258	Seq344.MAB152.15.uva	87
690	álamo gb157.2 B1069450_T1	álamo	1259	Seq376.MAB168.15.uva	85
691	patata gb157.2 BG594910_T1	patata	1260	Seq370.MAB165.15.uva	82
692	patata gb157.2 AJ487418_T1	patata	1261	Seq321.MAB139.15.algodón	82
693	patata gb157.2 BQ516076_T2	patata	1262	Seq389.MAB175.15.tomate	97
694	patata gb157.2 BE921143_T1	patata	1263	Seq349.MAB154.15.caña de azúcar	80
695	patata gb157.2 BG592541_T1	patata	1264	Seq256.MAB37.15.tomate	90
696	patata gb157.2 BF052848_T1	patata	1265	Seq321.MAB139.15.algodón	81
697	patata gb157.2 BF460150_T1	patata	1266	Seq370.MAB165.15.uva	84
698	patata gb157.2 BG097985_T1	patata	1267	Seq303.MAB129.15.tomate	91
699	patata gb157.2 BE923564_T1	patata	1268	Seq342.MAB151.15.patata	90
700	patata gb157.2 X86021_T1	patata	1269	Seq334.MAB146.15.tomate	97
701	patata gb157.2 BG594768_T1	patata	1270	Seq329.MAB143.15.tomate	97
702	patata gb157.2 BF154203_T1	patata	1271	Seq256.MAB37.15.tomate	98
703	patata gb157.2 BE344306_T1	patata	1272	seq357.MAB157.15.caña de azúcar	82
704	patata gb157.2 BF460309_T1	patata	1273	Seq329.MAB143.15.tomate	98
705	patata gb157.2 BQ516076_T1	patata	1274	Seq390.MAB175.15.tomate	96

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
706	patata gb157.2 BI176616_T1	patata	1275	Seq256.MAB37.15.tomate	88
707	patata gb157.2 BQ117692_T1	patata	1276	Se354.MAB156.15.tabaco	86
708	patata gb157.2 AJ487418_T2	patata	1277	Seq321.MAB139.15.algodón	81
709	patata gb157.2 BG351229_T1	patata	1278	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	81
710	patata gb157.2 AJ487418_T3	patata	1279	Seq321.MAB139.15.algodón	84
711	patata gb157.2 BF154154_T1	patata	1280	Seq256.MAB37.15.tomate	99
712	rábano gb164 EY895633_T1	rábano	1281	Seq373.MAB167.15.canola	93
713	rábano gb164 EX772944_T1	rábano	1282	seq356.MAB157.15.caña de azúcar	83
714	rábano gb164 EW725846_T1	rábano	1283	Seq237.MAB25.15.arabidopsis	84
715	rábano gb164 EV527306_T1	rábano	1284	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	94
716	rábano gb164 EV565850_T1	rábano	1285	Seq277.MAB50.15.arabidopsis	90
717	rábano gb164 EX772722_T1	rábano	1286	Seq360.MAB159.15.canola	88
718	rábano gb164 EX775718_T1	rábano	1287	Seq376.MAB168.15.uva	81
719	rábano gb164 EV535278_T1	rábano	1288	Seq360.MAB159.15.canola	81
720	rábano gb164 EV565334_T1	rábano	1289	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	91
721	rábano gb164 EV528083_T1	rábano	1290	Seq252.MAB35.15.arabidopsis	80
722	rábano gb164 T25168_T1	rábano	1291	Seq376.MAB168.15.uva	80
723	rábano gb164 EV544010_T1	rábano	1292	Seq229.MAB20.15.arabidopsis	91
724	rábano gb164 EW713752_T1	rábano	1293	Seq373.MAB167.15.canola	86
725	rábano gb164 EV568565_T1	rábano	1294	Seq284.MAB100.15.arabidopsis	88
726	rábano gb164 EV543867_T1	rábano	1295	Seq373.MAB167.15.canola	88

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
727	rábano gb164 EX770974_T1	rábano	1296	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	85
728	rábano gb164 EV566819_T1	rábano	1297	Seq217.MAB13.15.arabidop	81
729	arroz gb157.2 NM001059403_T1	arroz	1298	Seq261.MAB40.15.arroz	84
730	arroz gb157.2 C28755_T1	arroz	1299	Seq321.MAB139.15.algodón	80
731	arroz gb157.2 AA750806_T1	arroz	1300	Seq290.MAB122.15.maíz	83
732	arroz gb157.2 AA751345_T1	arroz	1301	Seq321.MAB139.15.algodón	80
733	arroz gb157.2 BE040195_T6	arroz	1302	Seq346.MAB153.15.caña de azúcar	95
734	arroz gb157.2 BI118752_T1	arroz	1303	Seq276.MAB49.15.maíz	94
735	arroz gb157.2 AW070148_T1	arroz	1304	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	87
736	arroz gb157.2 AW069929_T1	arroz	1305	Seq309.MAB133.15.cebada	93
737	arroz gb157.2 AW070094_T1	arroz	1306	Seq274.MAB48.15.arroz	83
738	arroz gb157.2 AA753115_T4	arroz	1307	Seq259.MAB39.15.cebada	90
739	arroz gb157.2 BI795037_T4	arroz	1308	Seq385.MAB173.15.cebada	100
740	arroz gb157.2 AU092454_T1	arroz	1309	Seq274.MAB48.15.arroz	100
741	arroz gb157.2 AA753115_T3	arroz	1310	Seq259.MAB39.15.cebada	91
742	arroz gb157.2 BE040195_T1	arroz	1311	Seq346.MAB153.15.caña de azúcar	91
743	arroz gb157.2 CB624284_T1	arroz	1312	Seq264.MAB42.10.sorgo	82
744	arroz gb157.2 AU030125_T3	arroz	1313	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	88
745	arroz gb157.2 AU164313_T1	arroz	1314	Seq270.MAB45.15.trigo	84
746	arroz gb157.2 BI799463_T1	arroz	1315	Seq221.MAB15.15.sorgo	85
747	arroz gb157.2 AW070094_T3	arroz	1316	Seq274.MAB48.15.arroz	80

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
748	arroz gb157.2 AA753115_T1	arroz	1317	Seq259.MAB39.15.cebada	91
749	arroz gb157.2 AU093322_T2	arroz	1318	Seq228.MAB19.15.sorgo	85
750	arroz gb157.2 AU030125_T1	arroz	1319	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
751	arroz gb157.2 AA752703_T1	arroz	1320	Seq295.MAB125.15.arroz	88
752	arroz gb157.2 NM001067464_T1	arroz	1321	Seq205.MAB4.15.arroz	93
753	arroz gb157.2 NM001052309_T1	arroz	1322	Seq295.MAB125.15.arroz	91
754	arroz gb157.2 CA763128_T2	arroz	1323	Seq219.MAB14.15.arroz	80
755	arroz gb157.2 AW070148_T2	arroz	1324	Seq348.MAB154.15.caña de azúcar	87
756	arroz gb157.2 AU093322_T1	arroz	1325	Seq228.MAB19.15.sorgo	86
757	arroz gb157.2 AA753115_T5	arroz	1326	Seq259.MAB39.15.cebada	94
758	arroz gb157.2 AU030125_T4	arroz	1327	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
759	centeno gb164 BF429408_T1	centeno	1328	Seq309.MAB133.15.cebada	97
760	centeno gb164 BE494847_T1	centeno	1329	Seq368.MAB164.15.cebada	97
761	alazor gb162 EL373402_T1	alazor	1330	Seq376.MAB168.15.uva	81
762	alazor gb162 EL374175_T1	alazor	1331	Seq259.MAB39.15.cebada	83
763	alazor gb162 EL377332_T1	alazor	1332	Seq385.MAB173.15.cebada	81
764	alazor gb162 EL373487_T1	alazor	1333	Seq263.MAB42.15.sorgo	80
765	alazor gb162 EL3174095_T1	alazor	1334	Seq256.MAB37.15.tomate	86
766	alazor gb162 EL382051_T1	alazor	1335	Seq256.MAB37.15.tomate	86
767	alazor gb162 EL409148_T1	alazor	1336	Seq385.MAB173.15.cebada	80
768	sorgo gb161.xeno AW224927_T1	sorgo	1337	Seq288.MAB121.15.caña de azúcar	94

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
769	sorgo gb161.xeno T26945_T2	sorgo	1338	Seq370.MAB165.15.uva	81
770	sorgo gb161.xeno AI932179_T3	sorgo	1339	Seq286.MAB104.15.arroz	91
771	sorgo gb161.xeno T15319_T1	sorgo	1340	Seq276.MAB49.15.maíz	97
772	sorgo gb161.xeno AI615215_T1	sorgo	1341	Seq248.MAB33.15.maíz	92
773	sorgo gb161.xeno BG102066_T2	sorgo	1342	Seq290.MAB122.15.maíz	90
774	sorgo gb161.xeno AW672419_T2	sorgo	1343	Seq276.MAB49.15.maíz	97
775	sorgo gb161.xeno AW672419_T3	sorgo	1344	Seq276.MAB49.15.maíz	95
776	sorgo gb161.xeno AI901860_T1	sorgo	1345	Seq259.MAB39.15.cebada	84
777	sorgo gb161.xeno AI621995_T3	sorgo	1346	Seq384.MAB172.15.caña de azúcar	97
778	sorgo gb161.xeno AI881418_T2	sorgo	1347	Seq264.MAB42.10.sorgo	100
779	sorgo gb161.xeno AI89125_T1	sorgo	1348	Seq311.MAB134.15.cebada	95
780	sorgo gb161.xeno AI782993_T1	sorgo	1349	Seq241.MAB28.15.arroz	84
781	sorgo gb161.xeno AI724629_T1	sorgo	1350	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	99
782	sorgo gb161.xeno AA143925_T1	sorgo	1351	Seq221.MAB15.15.sorgo	100
783	sorgo gb161.xeno AI621995_T2	sorgo	1352	Seq383.MAB172.15.caña de azúcar	99
784	sorgo gb161.xeno T26945_T1	sorgo	1353	Seq370.MAB165.15.uva	81
785	sorgo gb161.xeno AW179463_T1	sorgo	1354	Seq321.MAB139.15.algodón	80
786	sorgo gb161.xeno ZMU90944_T2	sorgo	1355	Seq367.MAB163.15.cebada	80
787	sorgo gb161.xeno T15319_T2	sorgo	1356	Seq276.MAB49.15.maíz	95
788	sorgo gb161.xeno AI621995_T1	sorgo	1357	Seq383.MAB172.15.caña de azúcar	99
789	sorgo gb161.xeno AI932179_T1	sorgo	1358	Seq286.MAB104.15.arroz	90

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
790	sorgo gb161.xeno AI621995_T4	sorgo	1359	Seq383.MAB172.15.caña de azúcar	99
791	sorgo gb161.xeno ZMU90944_T3	sorgo	1360	Seq367.MAB163.15.cebada	80
792	sorgo gb161.xeno AI665229_T2	sorgo	1361	Seq346.MAB153.15.caña de azúcar	96
793	sorgo gb161.xeno AI939836_T1	sorgo	1362	Seq309.MAB133.15.cebada	92
794	sorgo gb161.xeno BI099068_T1	sorgo	1363	Seq270.MAB45.15.trigo	83
795	sorgo gb161.xeno AI665229_T1	sorgo	1364	Seq346.MAB153.15.caña de azúcar	96
796	sorgo gb161.xeno AW67249_T1	sorgo	1365	Seq276.MAB49.15.maíz	97
797	sorgo gb161.xeno AW4983_T1	sorgo	1366	Seq210.MAB8.15.arroz	83
798	sorgo gb161.xeno AW923775_T1	sorgo	1367	Seq231.MAB21.15.arroz	88
799	sorgo gb161.xeno T15319_T3	sorgo	1368	Seq276.MAB49.15.maíz	85
800	soja gb162 BG839539_T1	soja	1369	Seq368.MAB164.15.cebada	80
801	soja gb162 CA783290_T1	soja	1370	Seq259.MAB39.15.cebada	81
802	soja gb162 BU551043_T1	soja	1371	Seq256.MAB37.15.tomate	88
803	soja gb162 EV282184_T1	soja	1372	Seq371.MAB166.15.álamo	82
804	soja gb162 BI967468_T1	soja	1373	Seq368.MAB164.15.cebada	80
805	soja gb162 BI321879_T1	soja	1374	Seq259.MAB39.15.cebada	81
806	soja gb162 AW132704_T1	soja	1375	Seq256.MAB37.15.tomate	90
807	soja gb162 BU764498_T1	soja	1376	Seq256.MAB37.15.tomate	86
808	soja gb162 CA953156_T1	soja	1377	Seq298.MAB126.15.uva	80
809	soja gb162 CF922618_T1	soja	1378	Seq259.MAB39.15.cebada	84
810	soja gb162 BU544425_T1	soja	1379	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	81

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
811	soja gb162 BU765332_T1	soja	1380	Seq233.MAB22.15.tomate	80
812	soja gb162 CA936077_T1	soja	1381	Seq376.MAB168.15.uva	83
813	soja gb162 BE823013_T1	soja	1382	Seq376.MAB168.15.uva	83
814	soja gb162 CD417415_T1	soja	1383	Seq370.MAB165.15.uva	85
815	soja gb162 BE660691_T1	soja	1384	Seq362.MAB161.15.álamo	81
816	soja gb162 CD395628_T1	soja	1385	Seq370.MAB165.15.uva	82
817	soja gb162 BU549206_T2	soja	1386	Seq259.MAB39.15.cebada	80
818	soja gb162 AW351120_T1	soja	1387	Seq298.MAB126.15.uva	82
819	soja gb162 AW132704_T2	soja	1388	Seq256.MAB37.15.tomate	90
820	soja gb162 BE584244_T1	soja	1389	Seq256.MAB37.15.tomate	91
821	picea gb162 CO234968_T1	picea	1390	Seq344.MAB152.15.uva	83
822	euforbiolgb161 DV146052_T1	euforbio	1391	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	81
823	euforbiolgb161 DV127024_T1	euforbio	1392	Seq344.MAB152.15.uva	83
824	euforbiolgb161 DV124157_T1	euforbio	1393	Seq376.MAB168.15.uva	85
825	fresa gb164 EX683450_T1	fresa	1394	Seq348.MAB154.15.caña de azúcar	81
826	fresa gb164 EX683265_T1	fresa	1395	Seq370.MAB165.15.uva	81
827	fresa gb164 DY675409_T1	fresa	1396	Seq256.MAB37.15.tomate	81
828	caña de azúcar gb157.2 CA115287_T1	caña de azúcar	1397	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	88
829	caña de azúcar gb157.2 CA216001_T1	caña de azúcar	1398	Seq259.MAB39.15.cebada	85
830	caña de azúcar gb157.2 CA072819_T1	caña de azúcar	1399	Seq241.MAB28.15.arroz	83
831	caña de azúcar gb157.2 CA125036_T1	caña de azúcar	1400	Seq291.MAB123.15.cebada	82

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
832	caña de azúcar gb157.2 CA071646_T1	caña de azúcar	1401	Seq286.MAB104.15.arroz	90
833	caña de azúcar gb157.2 CA117936_T2	caña de azúcar	1402	Seq228.MAB19.15.sorgo	93
834	caña de azúcar gb157.2 BQ537163_T1	caña de azúcar	1403	Seq276.MAB49.15.maíz	96
835	caña de azúcar gb157.2 CA074253_T1	caña de azúcar	1404	Seq241.MAB28.15.arroz	83
836	caña de azúcar gb157.2 CA102030_T1	caña de azúcar	1405	Seq385.MAB173.15.cebada	85
837	caña de azúcar gb157.2 CA068084_T1	caña de azúcar	1406	Seq366.MAB163.15.cebada	80
838	caña de azúcar gb157.2 CA233048_T1	caña de azúcar	1407	Seq290.MAB122.15.maíz	80
839	caña de azúcar gb157.2 CA090429_T1	caña de azúcar	1408	Seq289.MAB121.15.caña de azúcar	95
840	caña de azúcar gb157.2 CA095299_T1	caña de azúcar	1409	Seq370.MAB165.15.uva	80
841	caña de azúcar gb157.2 BQ533298_T1	caña de azúcar	1410	Seq311.MAB134.15.cebada	95
842	caña de azúcar gb157.2 CA107649_T1	caña de azúcar	1411	Seq248.MAB33.15.maíz	90
843	caña de azúcar gb157.2 BQ536274_T1	caña de azúcar	1412	Seq231.MAB21.15.arroz	88
844	caña de azúcar gb157.2 CA117936_T1	caña de azúcar	1413	Seq228.MAB19.15.sorgo	94
845	caña de azúcar gb157.2 BQ533234_T1	caña de azúcar	1414	Seq221.MAB15.15.sorgo	99
846	caña de azúcar gb157.2 CA072307_T1	caña de azúcar	1415	Seq309.MAB133.15.cebada	93
847	caña de azúcar gb157.2 CA073476_T1	caña de azúcar	1416	Seq290.MAB122.15.maíz	91
848	caña de azúcar gb157.2 CA065809_T1	caña de azúcar	1417	Seq366.MAB163.15.cebada	80
849	caña de azúcar gb157.2 CA072307_T2	caña de azúcar	1418	Seq309.MAB133.15.cebada	93
850	girasol gb162 DY909111_T1	girasol	1419	Seq336.MAB147.15.tabaco	83
851	girasol gb162 DY941035_T1	girasol	1420	Seq376.MAB168.15.uva	82
852	girasol gb162 CD857487_T1	girasol	1421	Seq370.MAB165.15.uva	81

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
853	girasol gb162 DY942252_T1	girasol	1422	Seq311.MAB134.15.cebada	80
854	girasol gb162 CD850784_T1	girasol	1423	Seq256.MAB37.15.tomate	83
855	girasol gb162 BQ968872_T1	girasol	1424	Seq357.MAB137.15.caña de azúcar	83
856	girasol gb162 EE616266_T1	girasol	1425	Seq256.MAB37.15.tomate	84
857	girasol gb162 EE641694_T1	girasol	1426	Seq256.MAB37.15.tomate	84
858	girasol gb162 DY924220_T1	girasol	1427	Seq259.MAB39.15.cebada	81
859	girasol gb162 DY910907_T1	girasol	1428	Seq370.MAB165.15.uva	80
860	girasol gb162 AY029172_T1	girasol	1429	Seq321.MAB139.15.algodón	81
861	girasol gb162 DY909077_T1	girasol	1430	Seq321.MAB139.15.algodón	80
862	girasol gb162 DY921635_T1	girasol	1431	Seq376.MAB168.15.uva	83
863	girasol gb162 DY913894_T1	girasol	1432	Seq256.MAB37.15.tomate	82
864	pasto varilla gb165 FE608718-T1	pasto varilla	1433	Seq370.MAB165.15.uva	81
865	pasto varilla gb165 FE624581_T1	pasto varilla	1434	Seq333.MAB145.15.cebada	87
866	pasto varilla gb165 FE604798_T1	pasto varilla	1435	Seq269.MAB45.15.trigo	90
867	pasto varilla gb165 DN-151012_T1	pasto varilla	1436	Seq309.MAB133.15.cebada	90
868	pasto varilla gb165 FE619903_T1	pasto varilla	1437	Seq383.MAB172.15.caña de azúcar	95
869	pasto varilla gb165 DN144676_T1	pasto varilla	1438	Seq385.MAB173.15.cebada	87
870	pasto varilla gb165 FE609872_T1	pasto varilla	1439	Seq228.MAB19.15.sorgo	89
871	pasto varilla gb165 FE617860_T1	pasto varilla	1440	Seq381.MAB171.15.caña de azúcar	88
872	pasto varilla gb165 DN145750_T1	pasto varilla	1441	Seq221.MAB15.15.sorgo	95
873	pasto varilla gb165 FE597811_T1	pasto varilla	1442	Seq248.MAB33.15.maíz	83

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
874	pasto varilla gb165 FE647199_T1	pasto varilla	1443	Seq381.MAB171.15.caña de azúcar	90
875	pasto varilla gb165 DN145034_T1	pasto varilla	1444	Seq276.MAB49.15.maíz	95
876	pasto varilla gb165 FE617335_T1	pasto varilla	1445	Seq286.MAB104.15.arroz	91
877	pasto varilla gb165 FE597809_T1	pasto varilla	1446	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	95
878	pasto varilla gb165 FE597811_T2	pasto varilla	1447	Seq248.MAB33.15.maíz	85
879	pasto varilla gb165 FE635691_T1	pasto varilla	1448	Seq311.MAB134.15.cebada	95
880	pasto varilla gb165 FE653022_T1	pasto varilla	1449	Seq385.MAB173.15.cebada	83
881	pasto varilla gb165 DN144793_T1	pasto varilla	1450	Seq259.MAB39.15.cebada	90
882	pasto varilla gb165 FE641674_T1	pasto varilla	1451	Seq309.MAB133.15.cebada	89
883	thellungiella gb157.2 DN775606_T1	thellungiella	1452	Seq212.MAB10.15.arabidopsis	82
884	thellungiella gb157.2 DN773228_T1	thellungiella	1453	Seq211.MAB9.15.arabidopsis	98
885	thellungiella gb157.2 DN772771_T1	thellungiella	1454	Seq208.MAB7.15.arabidopsis	89
886	thellungiella gb157.2 DN774422_T1	thellungiella	1455	Seq360.MAB159.15.canola	83
887	thellungiella gb157.2 DN774140_T1	thellungiella	1456	Seq284.MAB100.15.arabidopsis	86
888	tabaco gb162 DW003503_T1	tabaco	1457	Seq329.MAB143.15.tomate	93
889	tabaco gb162 BP532373_T1	tabaco	1458	Seq357.MAB157.15.caña de azúcar	82
890	tabaco gb162 CN949739_T1	tabaco	1459	Seq370.MAB165.15.uva	84
891	tabaco gb162 BQ843111_T1	tabaco	1460	Seq319.MAB138.15.patata	90
892	tabaco gb162 EB683054_T1	tabaco	1461	Seq307.MAB131.15.tomate	89
893	tabaco gb162 EB428197_T1	tabaco	1462	Seq222.MAB16.15.arroz	80
894	tabaco gb162 EB445060_T1	tabaco	1463	Seq283.MAB99.15.tomate	90

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
895	tabaco gb162 EB447202_T1	tabaco	1464	Seq390.MAB175.15.tomate	88
896	tabaco gb162 DW001113_T1	tabaco	1465	Seq256.MAB37.15.tomate	88
897	tabaco gb162 EH623692_T1	tabaco	1466	Seq303.MAB129.15.tomate	85
898	tomate gb164 BG127210_T1	tomate	1467	Seq342.MAB151.15.patata	82
899	tomate gb164 BG128089_T2	tomate	1468	Seq222.MAB16.15.arroz	80
900	tomate gb164 AW219181_T1	tomate	1469	Seq256.MAB37.15.tomate	90
901	tomate gb164 BG127288_T1	tomate	1470	Seq370.MAB165.15.uva	83
902	tomate gb164 BG133509_T1	tomate	1471	Seq256.MAB37.15.tomate	88
903	tomate gb164 BG131241_T1	tomate	1472	Seq309.MAB133.15.cebada	80
904	tomate gb164 BG129621_T1	tomate	1473	Seq350.MAB154.15.caña de azúcar	80
905	tomate gb164 A1779004_T1	tomate	1474	Seq309.MAB133.15.cebada	81
906	tomate gb164 BG129572_T1	tomate	1475	Seq321.MAB139.15.algodón	80
907	tomate gb164 BG135408_T1	tomate	1476	Seq319.MAB138.15.patata	98
908	triphysaria gb164 DR173028_T1	triphysaria	1477	Seq329.MAB143.15.tomate	81
909	triphysaria gb164 BM357524_T2	triphysaria	1478	Seq283.MAB99.15.tomate	85
910	triphysaria gb164 EY133838_T1	triphysaria	1479	Seq311.MAB134.15.cebada	80
911	triphysaria gb164 BM357406_T1	triphysaria	1480	Seq329.MAB143.15.tomate	83
912	triphysaria gb164 BM357011_T1	triphysaria	1481	Seq259.MAB39.15.cebada	80
913	triphysaria gb164 BM357524_T1	triphysaria	1482	Seq376.MAB168.15.uva	85
914	triphysaria gb164 EY137290_T1	triphysaria	1483	Seq256.MAB37.15.tomate	88
915	trigo gb164 CA484259_T1	trigo	1484	Seq241.MAB28.15.arroz	84

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
916	trigo gb164 BE606422_T1	trigo	1485	Seq379.MAB170.15.cebada	96
917	trigo gb164 BE406378_T1	trigo	1486	Seq219.MAB14.15.arroz	80
918	trigo gb164 BE470780_T1	trigo	1487	Seq221.MAB15.15.sorgo	84
919	trigo gb164 BE418087_T1	trigo	1488	Seq325.MAB141.15.cebada	95
920	trigo gb164 BQ294643_T1	trigo	1489	Seq269.MAB45.15.trigo	94
921	trigo gb164 BE415314_T1	trigo	1490	Seq250.MAB34.15.cebada	82
922	trigo gb164 AL822647_T1	trigo	1491	Seq259.MAB39.15.cebada	98
923	trigo gb164 BE406667_T1	trigo	1492	Seq250.MAB34.15.cebada	89
924	trigo gb164 BF475039_T1	trigo	1493	Seq221.MAB15.15.sorgo	83
925	trigo gb164 CK196180_T1	trigo	1494	Seq323.MAB140.15.cebada	80
926	trigo gb164 BE403745_T1	trigo	1495	Seq379.MAB170.15.cebada	97
927	trigo gb164 BQ620260_T1	trigo	1496	Seq311.MAB134.15.cebada	100
928	trigo gb164 BM138204_T1	trigo	1497	Seq333.MAB 145.15.barley	91
929	trigo gb164 BE401114_T1	trigo	1498	Seq291.MAB123.15.barley	94
930	trigo gb164 BE498161_T1	trigo	1499	Seq388.MAB174.15.barley	93
931	trigo gb164 BQ744502_T1	trigo	1500	Seq250.MAB34.15.barley	85
932	trigo gb164 BE415172_T1	trigo	1501	Seq366.MAB163.15.barley	94
933	trigo gb164 CD490875_T1	trigo	1502	Seq276.MAB49.15.maize	97
934	trigo gb164 CA625741_T1	trigo	1503	Seq309.MAB133.15.barley	87
935	trigo gb164 BE443720_T1	trigo	1504	Seq318.MAB137.15.barley	94
936	trigo gb164 BE420294_T1	trigo	1505	Seq290.MAB122.15.maize	84

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
937	trigo gb164 BE516581_T1	trigo	1506	Seq387.MAB174.15.barley	95
938	trigo gb164 BE406039_T1	trigo	1507	Seq333.MAB145.15.cebada	90
939	trigo gb164 BM136483_T1	trigo	1508	Seq333.MAB145.15.cebada	92
940	trigo gb164 BE425976_T1	trigo	1509	Seq250.MAB34.15.cebada	81
941	trigo gb164 CN011148_T1	trigo	1510	Seq270.MAB45.15.trigo	84
942	trigo gb164 BE419039_T1	trigo	1511	Seq250.MAB34.15.cebada	80
943	trigo gb164 CA603413_T1	trigo	1512	Seq323.MAB140.15.cebada	85
944	trigo gb164 CA743309_T1	trigo	1513	Seq321.MAB139.15.algodón	80
945	trigo gb164 BG262336_T1	trigo	1514	Seq366.MAB163.15.cebada	94
946	trigo gb164 CD881765_T1	trigo	1515	Seq219.MAB14.15.arroz	80
947	trigo gb164 BE352629_T1	trigo	1516	Seq291.MAB123.15.cebada	96
948	trigo gb164 BE398656_T1	trigo	1517	Seq308.MAB132.15.cebada	97
949	trigo gb164 BE403195_T1	trigo	1518	Seq291.MAB123.15.cebada	94
950	trigo gb164 BE488904_T1	trigo	1519	Seq367.MAB163.15.cebada	91
951	trigo gb164 BE492528_T1	trigo	1520	Seq311.MAB134.15.cebada	100
952	trigo gb164 BE427383_T1	trigo	1521	Seq219.MAB14.15.arroz	80
953	trigo gb164 CA646957_T1	trigo	1522	Seq250.MAB34.15.cebada	89
954	trigo gb164 BE443720_T2	trigo	1523	Seq318.MAB137.15.cebada	92
955	trigo gb164 BE490408_T1	trigo	1524	Seq264.MAB42.10.sorgo	81
956	trigo gb164 BE420295_T1	trigo	1525	Seq379.MAB170.15.cebada	96
957	trigo gb164 AL825998_T1	trigo	1526	Seq308.MAB132.15.cebada	97

Homólogos de genes de TEAB					
SEQ ID NO de polinucleótido:	Nombre del grupo	Organismo	SEQ ID NO de polipéptido:	Homólogo a un polipéptido codificado por una SEQ ID NO de polinucleótido	% de identidad global
958	trigo gb164 CA693465_T1	trigo	1527	Seq308.MAB132.15.cebada	97
959	trigo gb164 BE585772_T1	trigo	1528	Seq366.MAB163.15.cebada	95
960	trigo gb164 CA613914_T1	trigo	1529	Seq356.MAB157.15.caña de azúcar	84
1656	>tomate gb164 BG129621_T1	tomate	1660	Seq1649.MAB66.tomate	82
1657	patata gb157.2 BE921143_T1	patata	1661	Seq1649.MAB66.tomate	82
1658	pimiento gb157.2 BM061807_T1	pimiento	1662	Seq1649.MAB66.tomate	80
1659	>triphysaria gb164 BM357011_T1	triphysaria	1663	Seq1649.MAB66.tomate	80

Tabla 2: *- La homología se calculó como% de identidad con respecto a las secuencias alineadas. Las secuencias de búsqueda fueron secuencias de polinucleótidos SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 19, 21, 23, 25, 26, 28, 29, 30, 32, 34, 36, 37, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 50, 52, 54, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 82, 84, 86, 88, 90, 91, 93, 94, 96, 98, 100, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 118, 119, 121, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 135, 138, 140, 142, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157, 161, 163, 165, 168, 169, 170, 171, 173, 175, 177, 179, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 y 1649, y las secuencias objeto son secuencias de proteínas identificadas en la base de datos basándose en más de 80% de identidad con las secuencias traducidas previstas de las secuencias de búsqueda de nucleótidos. Se muestran los polipéptidos homólogos y los polinucleótidos que los codifican.

Ejemplo 2**Generación de los supuestos genes de TEAB**

Se sintetizan varias secuencias de ADN de los genes de TEAB por GeneArt (Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) geneart (.) com/). Se diseña ADN sintético *in silico*, basándose en las secuencias de aminoácidos codificadas de los genes de TEAB y usando tablas de uso de codones calculadas a partir de transcriptomas de planta (ejemplo de tales tablas se pueden encontrar en la base de datos de uso de codones disponible en línea en el Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) kazusa (.) o (.) jp/codon/). Las secuencias codificantes optimizadas se diseñan de tal forma que no se introduzcan cambios en la secuencia de aminoácidos codificada aunque se usen codones preferidos para la expresión en plantas dicotiledóneas (principalmente tomate y *Arabidopsis*) y plantas monocotiledóneas tales como maíz. Al menos una mutación silenciosa por cada 20 pares de bases de nucleótido se introduce en la secuencia en comparación con las secuencias originales para evitar el posible silenciamiento cuando se expresa en exceso el gen en el cultivo diana. A las secuencias optimizadas se añaden los siguientes sitios de enzimas de restricción - *Sall*, *XbaI*, *BamHI*, *SmaI* en el extremo 5' y *SacI* en el extremo 3'. Las secuencias sintetizadas por el proveedor (GeneArt, GmbH) se clonan en el plásmido pCR-Script.

Ejemplo 3**Clonación y generación de genes de vectores binarios para la expresión en plantas**

Para validar su función en mejorar la TEAB y el rendimiento, se expresaron en exceso en plantas genes seleccionados, del siguiente modo.

Estrategia de clonación

Se clonaron en vectores binarios para la generación de plantas transgénicas genes seleccionados de los presentados en el Ejemplo 1. Para la clonación, se identificaron los marcos de lectura abiertos (abreviadamente en lo sucesivo ORF por la expresión inglesa *Open Reading Frame*) de longitud completa. Se analizaron grupos de EST y en algunos casos secuencias de ARNm para identificar el marco de lectura abierto entero comparando los resultados de varios algoritmos de traducción con proteínas conocidas de otras especies de planta.

Con el fin de de clonar los ADNc de longitud completa, se realizó transcripción inversa (abreviadamente en lo sucesivo RT por la expresión inglesa *Reverse Transcription*) seguido por reacción en cadena de la polimerasa (PCR; RT-PCR) en ARN total extraído de hojas, raíces u otros tejidos de planta, cultivando en condiciones tanto normales como deficientes en nutrientes. La extracción de ARN total, producción de ADNc y amplificación por PCR se realizó usando protocolos convencionales descritos en otros documentos (Sambrook J., E.F. Fritsch, y T. Maniatis. 1989. *Molecular Cloning. A Laboratory Manual.*, 2ª Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York) que conocen bien los expertos en la materia. Los productos de PCR se purificaron usando el kit de purificación por PCR (Qiagen)

Normalmente, se prepararon 2 conjuntos de cebadores para la amplificación de cada gen, mediante PCR anidada (que significa amplificar en primer lugar el gen usando cebadores externos y luego usar el producto de PCR producido como molde para una segunda reacción de PCR, donde se usa el conjunto interno de cebadores). Alternativamente, se usaron uno o dos de los cebadores internos para la amplificación génica, tanto en la primera como en la segunda reacciones de PCR (que significa que se diseñaron solo 2-3 cebadores para un gen). Para facilitar adicionalmente la clonación de los ADNc, se añade una extensión de 8-12 pb a 5' de cada cebador interno. La extensión de cebador incluye un sitio de restricción de endonucleasa. Los sitios de restricción se seleccionan usando dos parámetros: (a) el sitio de restricción no existe en la secuencia de ADNc; y (b) los sitios de restricción en los cebadores directos e inversos se diseñan de forma que el ADNc digerido se inserte en la dirección sentido en el vector binario utilizado para la transformación. En la Tabla 3 a continuación se proporcionan los cebadores usados para la clonación de genes de TEAB.

Tabla 3

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB1	1530	201	EcoRV	MAB1_EF_EcoRV AAGATATCAGACCAGAGGAGA AGACTCGATC (SEQ ID NO:1567) MAB1_NF_EcoRV AAGATATCAGACTCCGTTCCGA GAAAAGG (SEQ ID NO:1568) MAB1_ER_EcoRV <u>ATGATATCTGAAGAACATCGCC</u> <u>TTGTCATC</u> (SEQ ID NO:1569) MAB1_NR_EcoRV AAGATATCACCTTGTTCATCGGA TCATCTCC (SEQ ID NO:1570)
MAB1_GA (optimizada para la expresión en maíz y G. max)	1531			Producto Sintético (de pGA14_MAB1_GA)
MAB14	1538	219	EcoRV	MAB14_EF_EcoRV ATGATATCCAACGAATGAAGA CTAGTAGCTG (SEQ ID NO:1571) MAB14_NF_EcoRV ATGATATCCCAGATGGAATCCT GCCCT (SEQ ID NO:1572) MAB14_ER_EcoRV ATGATATCGTGTCAATGAAGG GAACGTGC (SEQ ID NO:1573) MAB14_NR_EcoRV ATGATATCGCAAATGGATTGAG ATATTCTG (SEQ ID NO:1574)
MAB14_GA (optimizada para la expresión en maíz)	1539			Producto sintético (de pGA14_MAB14_GA)
MAB10	1532	212	Sall, XbaI	MAB10FSal- GCAGTCGACAACTCACAGTTCC AAACACACA (SEQ ID NO:1575) MAB10ExtRXba- GGTCTAGAATGTAAATGTCTTC GTATTAGGC (SEQ ID NO:1576) MAB10NRXba- CCTCTAGAATCACCCGAAATAA CTAGTGTC (SEQ ID NO:1577)
MAB10_GA (optimizada para la expresión en maíz)	1533			Producto sintético (de pGA18_MAB10_GA)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB25	1549	237	PstI, SmaI	MAB25_EF_PstI- AACTGCAGCCATCGTCGTAATC CTTCTAGC (SEQ ID NO:1578) MAB25_NF_PstI- AACTGCAGTAATCATGGGGAG GAAATCTC (SEQ ID NO:1579) MAB25_ER_SmaI- GGGTGACAATTCCGAGTCTCAG C (SEQ ID NO:1580) MAB25_NR_SmaI- TCCCGGGCAATTGGTCAATGGC ACTC (SEQ ID NO:1581)
MAB25_GA (optimizada para la expresión en maíz)	1550			Producto sintético (de pGA14_MAB25_GA)
MAB134	1665	311	Sall, XbaI	MAB134_EF_Sall- AATGTCGACTCTCGTCTTGCTC CCAGAG (SEQ ID NO:1582) MAB134_NF_Sall- AATGTCGACCGACACCCCTTCTC CTCCTC (SEQ ID NO:1583) MAB134_ER_XbaI- TTTCTAGAATCATATCCAACA TCCACTTC (SEQ ID NO:1584) MAB134_NR_XbaI- TTTCTAGACTGCTATGTTCCAC TGACTACAC (SEQ ID NO:1585)
MAB99	1566	283	Sall, SacI	MAB99_NF_Sall- AAAGTCGACCAGTTAATTCTCC GTTGTCTACTC (SEQ ID NO:1586) MAB99_NR_SacI- TGAGCTCCTGCTTGAACTTGC TGCTAG (SEQ ID NO:1587)
MAB36	1554	254	Sall, XbaI	MAB36FSal- GGAGTCGACACAGAAATGGGT GGTTTGAAG (SEQ ID NO:1588) MAB36ExtRXba- CCTCTAGAAATGATCACTCACT GCAACTTAG (SEQ ID NO:1589) MAB36NRXba- CCTCTAGACACTCACTGCAACT TAGAAACATC (SEQ ID NO:1590)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB7	1563	208	Sall, XbaI	MAB7ExFSal- AACGTCGACGCTCATTCTCTT CTTCTTTGG (SEQ ID NO:1591) MAB7NFSal- GACGTCGACTCTTCTTTGGTTC TTACATTTCTC (SEQ ID NO:1592) MAB7ExRXba- TCTCTAGAGCAAGACGTTATAA ACCATGC (SEQ ID NO:1593) MAB7NRXba- TCTCTAGAAGAAGACACGCTG GACAATG (SEQ ID NO:1594)
MAB44	1557	267	Sall, SacI	MAB44NFSal AAGGTCGACCATAAAGAACAG TGACAGGCG (SEQ ID NO:1595) MAB44NRSc AGAGCTCCACGTAAGTACATTTT CACAGCAC (SEQ ID NO:1596)
MAB44_GA (optimizada para la expresión en maíz)	1558			Producto sintético (de pCR4Blunt- TOPO_MAB44_GA)
MAB6	1561	207	Sall, XbaI	MAB6-ExFSal- ACCGTCGACCCTTCTCCAATTT CGTAAGC (SEQ ID NO:1597) MAB6NFSal- ACCGTCGACTTCGTAAGCTCAA AGATTTTCG (SEQ ID NO:1598) MAB6-ExtRXbaI- CCTCTAGAACGACTTTTAATCC CTCCAAC (SEQ ID NO:1599) MAB6-NRXbaI- CCTCTAGACTCCAACAGCCACT ACAACC (SEQ ID NO:1600)
MAB6_GA (optimizada para la expresión en maíz)	1562			Producto sintético (de pGA15_MAB6_GA)
MAB9	1564	211	EcoRV	MAB9_F_EcoRV <u>AAGATATCGGTTGCTGAGGAA</u> <u>TCGAAGTAG</u> (SEQ ID NO:1601) MAB9_ER_EcoRV <u>TTGATATCGAGCCAAGTCACAA</u> <u>GGAGTTTAC</u> (SEQ ID NO:1602) MAB9_NR_EcoRV <u>TTGATATCCTCCGAGTGTCGCA</u> <u>GTAAGC</u> (SEQ ID NO:1603)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB9_GA (optimizada para la expresión en maíz y G. max)	1565			Producto sintético (de pGA15_MAB9_GA)
MAB100	1534	284	Sall,Xbal	MAB100_EF_Sall- AA'TGTCGACCCAAGTTAACTT CATATCATACAC (SEQ ID NO:1604) MAB100_NF_Sall- AATGTCGACGAAGAGTTATTAT CGCGAGCT' (SEQ ID NO:1605) MAB100_ER_Xbal- AATGTCGACCCAAGTTAACTT CATATCATACAC (SEQ ID NO:1606) MAB100_NR_Xbal- AA'TCTAGACAAACCCAACCTTAT TACATTACG (SEQ ID NO:1607)
MAB13	1536	217	SacI, Sall	MAB13_F_Sall_new AATGTCGACCTCGAAAAATGGC CACCATTAG (SEQ ID NO:1608) MAB13ExRSc CGAGCTCCAAAAATGCAAGAA TCAAGAG (SEQ ID NO:1609) MAB13FSal AAGGTCGACTTCTCTCCAAAAT GGCCAC (SEQ ID NO:1610) MAB13NRSc TGAGCTCTGCAAGAATCAAGA GAAATTG (SEQ ID NO:1611)
MAB32	1552	247	EcoRV	MAB32_F_EcoRV- AAGATATCCTCCACTTGTGTGTT CAATTCCC (SEQ ID NO:1612) MAB32_ER_EcoRV- ATGATATCGATCTGAACAGCA GTAAGTAAGCC (SEQ ID NO:1613) MAB32_NR_EcoRV- ATGATATCTAAGAAGAACAAG ACATGGATCG (SEQ ID NO:1614)
MAB35	1553	252	SmaI	MAB35_F- CGTGAGAACTAAGAAACACCC(S EQ ID NO: 1615)MAB35_ER_SmaI- TCCCGGGACATCTTTTCAACTA AACCAAGAC (SEQ ID NO:1616) MAB35_NR_SmaI- TCCCGGGCTAAACCAAGACTTA CACAAGACG (SEQ ID NO:1617)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB146	1666	334	Sall, XbaI	MAB146_F_Sal- ATTGTCGACAGAGTTATGGGA GATAATAGAGGA (SEQ ID NO:1618) MAB146_ER_Xba- ATTCTAGACTCATCTGAGCTT TACATGTTT (SEQ ID NO:1619) MAB146_NR_Xba- TTTCTAGATTGGTTTACACCTC AACTCACTAC (SEQ ID NO:1620)
MAB2	1547	No codificante	Sall, XbaI	MAB2_F_Sall AATGTCGACAACAAATGATCCT TCAGGCAGTTAAAG (SEQ ID NO:1621) MAB2_R_Xba TTTCTAGATATTAAAACTTAGA TTCGGGATCAG (SEQ ID NO:1622)
MAB20	1548	229	PstI, SmaI	MAB20_EF_PstI- AACTGCAGGATCATCACTTCTC AGATTTCG (SEQ ID NO:1623) MAB20_NF_PstI- AACTGCAGAAAAATGAATTCA GAATCGCTAG (SEQ ID NO:1624) MAB20_ER_SmaI- AACTGCAGGATCATCACTTCTC AGATTTCG (SEQ ID NO:1625) MAB20_NR_SmaI- TCCCGGGCAATCTGACCTCAAA ACTCCC (SEQ ID NO:1626)
MAB43	1556	265	PstI, SmaI	MAB43_NF_PstI AACTGCAGGATCAATGAAGAT TCGGAACAG (SEQ ID NO:1627) MAB43_ER_SmaI TCCCGGGTACAACAAGAAACC TCTGATTC (SEQ ID NO: 1628) MAB43_NR_SmaI TCCCGGGCCTGTGCCACAGCTA TACTTAC (SEQ ID NO:1629)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB46	1559	271	Sall, SacI	MAB46ExFSal- GAAGTCGACATCCGTAGTTTCA GTTTCGTCC (SEQ ID NO:1630) MAB46NFSal- GAAGTCGACCTTGTCTGTTCCA GATGAAATTG (SEQ ID NO:1631) MAB46ExRSc- TGAGCTCCTCTATCGACGTCCTG GATTC (SEQ ID NO:1632) MAB46NRSc- TGAGCTCCGTCCGGATTCTATAA ACAAC (SEQ ID NO:1633) TCCCGGGCACACCAAGATTGAT TACAAAGAG (SEQ ID NO:1637)
MAB50	1560	277	SmaI	MAB50ExFSal GGAGTCGACCATCGGGACACA TCTTTAGG (SEQ ID NO:1634) MAB50_NF CATCTTTAGGCTCAAGGATTC (SEQ ID NO:1635) MAB50_ExR_Sac TGAGCTCGATCCTCGTTTATTA CAAGTCTG (SEQ ID NO: 1636) MAB50_NR_Sma
MAB66	1654	1655	Sall, XbaI	MAB66_F_Sal- AATGTCGACGATTGGAGATAG GCAGGCA (SEQ ID NO:1638) MAB66_ER_Xba- TTTCTAGAGGTAGCCAAAGCTG ACACTC (SEQ ID NO:1639) MAB66_NR_Xba- AATCTAGAGAGGCATATGCAC TTCTTATCG (SEQ ID NO:1640)
MAB4	1555	205	EcoRV	MAB4_EF_EcoRV- AAGATATCCAGGACGGGTTCTC GATCAG (SEQ ID NO:1641) MAB4_NF_EcoRV- AAGATATCCAGCGAACACGTC TACGATG (SEQ ID NO:1642) MAB4_ER_EcoRV- ATGATATCGCACGAGTTCAACT CAGCTG (SEQ ID NO:1643) MAB4_NR_EcoRV- ATGATATCGAACTGCTTGAGAT GTAACAGCT (SEQ ID NO:1644)

Genes de TEAB clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico y los cebadores usados para la clonación				
ID de gen	SEQ ID NO. de polinucleótido del gen clonado	SEQ ID NO. de polipéptido del polipéptido codificado	Enzimas de restricción usadas para la clonación	Cebadores usados para la amplificación (SEQ ID NO:)
MAB15_GA (optimizada para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1541	221	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB15)
MAB15a_G A (optimizada para la expresión en maíz)	1667			Producto sintético (de pGA18_MAB15a_GA)
MAB15_GA original (secuencia original, no optimizada)	1540			Producto sintético (de pGA14_MAB15_(EVO220)-original)
MAB17_GA (optimizada para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1542	224	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB17)
MAB17a_G A (optimizada para la expresión en maíz)	1544			Producto sintético (de pCR4Blunt-TOPO_MAB17a_GA)
MAB17_GA _original (secuencia original, no optimizada)	1543			Producto sintético (pGA14_MAB17_(EVO222)-original)
MAB137_G A (optimizada para la expresión en maíz, Arabidopsis y tomate)	1537	317	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA15_MAB137)
MAB3_GA (optimizada para la expresión en maíz, Arabidopsis y tomate)	1551	203	XbaI, SacI	Producto sintético (de pCR4Blunt-Topo_MAB3)
MAB3_GA _original (secuencia original, no optimizada)	1668			Producto sintético (de pGA14_MAB3_(EVO235)-original)
MAB18_GA (optimizada para la expresión en Arabidopsis y maíz)	1545	225	XbaI, SacI	Producto sintético (de pGA4_MAB18)
Gen de control: GUI	1664			

Tabla 3. Se presentan los genes de TEAB y gen(es) de control por el número ID de gen y SEQ ID NO. de polinucleótido. También se presentan los cebadores y las enzimas de restricción usadas para clonar los genes de TEAB.

Se digirieron los productos de PCR con endonucleasas de restricción (Roche, Suiza) según el diseño de sitios en los cebadores (Tabla 3). Cada producto de PCR digerido se insertó en un vector con alto número de copias originado a partir del vector plasmídico pBlue-script KS (vector plasmídico pBlue-script KS, Protocolo de transferencia de hipertexto://World Wide Web (.) stratagene (.) com/manuals/212205 (.) pdf). En caso del vector con alto número de copias originado a partir del vector plasmídico pBlue-script KS (pGN), se insertó el producto de PCR en el plásmido con alto número de copias en la dirección 5' al terminador NOS (SEQ ID NO: 1651) originado partir del vector binario pBI 101.3 (Nº de acceso de GenBank U12640, nucleótidos 4417 a 4693), Tabla 4 a continuación. En otros casos (pKSJ_6669a), el promotor At6669 (SEQ ID NO: 1652) ya está clonado en pBlue-script KS, de manera que el gen se introduce en la dirección 3' del promotor (Tabla 4 a continuación).

5

Se realizó la secuenciación de los genes insertados, usando el secuenciador ABI 377 (Applied Biosystems). En algunos casos, después de confirmar las secuencias de los genes clonados, el ADNc clonado acompañado con el terminador NOS se introdujo en los vectores binarios pGI que contenían el promotor At6669 mediante digestión con endonucleasas de restricción apropiadas. En otros casos, el ADNc clonado acompañado con el promotor At6669 se introdujo en el vector pGI (que ya no tenía contenido el promotor At6669). En cualquier caso, la inserción fue seguida por una sola copia del terminador NOS (SEQ ID NO: 1651). Se ligaron los productos digeridos y el vector plasmídico linealizado usando la enzima ADN ligasa T4 (Roche, Suiza).

Tabla 4

Genes clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico en un plásmido con alto número de copias		
Nombre del gen	Plásmido con alto número de copias	Amplificado de
MAB1	pKSJ_6669	ARN
MAB1		GeneArt
MAB10		GeneArt
MAB10	pGN	ARN
MAB14	pKSJ_6669	ARN
MAB14		GeneArt
MAB15	pGN	GeneArt (3 plásmidos)
MAB17	pGN	GeneArt (3 plásmidos)
MAB137	pGN	GeneArt
MAB25	pKSJ_6669	ARN
MAB25		GeneArt
MAB3	pGN	GeneArt (2 plásmidos)
MAB44	pGN	ARN
MAB44		GeneArt
MAB6	pGN	ARN
MAB6		GeneArt
MAB9	pKSJ_6669	ARN
MAB9		GeneArt
MAB100	pGN	ARN
MAB13	pGN	ARN
MAB134	pGN	ARN
MAB18	pGN	GeneArt
MAB2	pGN	ARN
MAB20	pKSJ_6669	ARN
MAB146	pGN	ARN
MAB32	pKSJ_6669	ARN
MAB35	pKSJ_6669	ARN
MAB36	pGN	ARN
MAB43	pKSJ_6669	ARN
MAB46	pGN	ARN
MAB50	pKSJ_6669	ARN
MAB7	pGN	ARN

Genes clonados de bibliotecas de ADNc o ADN genómico en un plásmido con alto número de copias		
Nombre del gen	Plásmido con alto número de copias	Amplificado de
MAB99	pGN	ARN
MAB66	pGN	ARN
MAB4	pKSJ_6669	ARN
Tabla 4		

Se construyó el vector plasmídico pPI insertando una secuencia de señal sintética poli-(A), originada del vector plasmídico básico pGL3 (Promega, N° de Acceso GenBank U47295; nucleótidos 4658-4811) en el sitio de restricción HindIII del vector binario pBI101.3 (Clontech, N° de Acceso GenBank U12640). pGI (Figura 1) es similar a pPI, pero el gen original en la cadena principal es GUS-intrón en lugar de GUS.

- 5 Se inserta At6669, la secuencia promotora de *Arabidopsis thaliana* (expuesta en la SEQ ID NO: 1652) en el vector binario pPI, en la dirección 5' con respecto a los genes clonados usando las enzimas de restricción *HindIII* y *Sall* o *BamHI* (Roche), seguido por ligamiento de ADN y extracción de plásmido binario de colonias positivas de *E. coli*, como se ha descrito anteriormente.

10 Las colonias positivas se identificaron por PCR usando cebadores que se diseñaron para abarcar el promotor introducido (At6669) y el gen clonado en el vector binario. En todos los casos el cebador directo de la PCR fue el conjunto de cebadores expuesto en la SEQ ID NO: 1650 (del promotor At6669) y los cebadores inversos (derivados del gen clonado específico) fueron los siguientes: Para MAB1, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1570; para MAB14, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1574; para MAB10, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1577; para MAB25, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1581; para MAB134, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1585; para MAB99, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1587; para MAB36, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1590; para MAB7, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1594; para MAB44, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1596; para MAB4, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1600; para MAB9, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1603 (MAB9); para MAB100, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1606; para MAB13, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1611; para MAB32, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1614; para MAB35, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1617; para MAB146, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1620; para MAB2, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1622; para MAB20, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1626; para MAB43, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1629; para MAB46, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1633; para MAB50, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1637; para MAB66, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1640; para MAB4, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1644; para MAB15 sintético gene, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1645; para el gen sintético MAB17, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1646; para el gen sintético MAB18, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1647; para el gen sintético MAB137, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1648; y para el gen sintético MAB3, el cebador inverso fue SEQ ID NO: 1649, que se diseñaron para abarcar el promotor introducido y el gen, en el vector binario.

30 Las secuencias sintéticas (tales como de MAB14, nucleótido SEQ ID NO: 23, que codifica la proteína SEQ ID NO: 219) de algunos de los polinucleótidos clonados se solicitaron a un proveedor comercial (GeneArt, GmbH). Para optimizar la secuencia codificante, se usaron tablas de uso de codones calculados de transcriptomas de plantas [se pueden encontrar ejemplos de dichas tablas en la base de datos de uso de codones disponible en línea en el Protocolo de Transferencia de Hipertexto://World Wide Web (.) kazusa (.) o (.) jp/codon/]. Las secuencias codificantes optimizadas se diseñaron de tal forma que no se introdujeron cambios en la secuencia de aminoácidos codificada, aunque usando codones preferidos para la expresión en plantas dicotiledóneas, principalmente tomate y *Arabidopsis*; y en plantas monocotiledóneas tales como maíz. Dichas secuencias optimizadas promueven una mejor tasa de traducción y, por tanto, niveles de expresión de proteína más altos. Se solicitaron partes de las secuencias como las secuencias originales. Para las secuencias optimizadas/no optimizadas se añadieron sitios de enzimas de restricción exclusivos adicionales flanqueantes para facilitar los genes de clonación en vectores binarios.

40 Promotores usados: promotor At6669 de *Arabidopsis* (SEQ ID NO: 1652; que es la SEQ ID NO: 61 del documento WO04081173 de Evogene Ltd.).

45 Las secuencias de los ADNc clonados se proporcionan en las SEQ ID NO: 1530-1534, 1536-1545, 1547-1566, 1654, 1665, 1666, 1667 y 1668. La traducción de proteínas de la secuencia de ADNc amplificada coincidió exactamente con la de la predicción bioinformática inicial de las secuencias de proteínas. Las secuencias polipeptídicas previstas de los polinucleótidos clonados se proporcionan en SEQ ID NO: 201, 212, 284, 213, 217, 317, 219, 221, 224, 225, 226, 227, 229, 237, 203, 247, 252, 205, 265, 267, 271, 277, 207, 208, 211, 283, 1655, 311, 334 y 254.

*Ejemplo 4**Transformación de células de Agrobacterium tumefaciens con vectores binarios que llevan supuestos genes de TEAB*

Se usa cada uno de los vectores binarios descritos en el Ejemplo 3 anterior para la transformación de células de *Agrobacterium*. Se usan dos construcciones binarias adicionales, que tienen un gen indicador GUS/luciferasa que reemplaza el gen de TEAB (ubicado en la dirección 3' del promotor At6669) como controles negativos.

Se introducen los vectores binarios en células competentes de *Agrobacterium tumefaciens* GV301 o LB4404 (aproximadamente 10⁹ células/ml) por electroporación. La electroporación se realiza usando un electroporador MicroPulser (Biorad), cubetas de 0,2 cm (Biorad) y el programa de electroporación EC-2 (Biorad). Las células tratadas se cultivan en medio líquido LB a 28 °C durante 3 horas, después se siembran sobre agar LB complementado con gentamicina (50 mg/L; para cepas de *Agrobacterium* GV301) o estreptomicina (300 mg/L; para la cepa de *Agrobacterium* LB4404) y kanamicina (50 mg/L) a 29 °C durante 48 horas. Se analizan por PCR las colonias de *Agrobacterium* que se desarrollan sobre los medios selectivos usando los cebadores descritos anteriormente (Ejemplo 3) con respecto a la identificación de colonias positivas de vectores binarios. Se aíslan los productos resultantes de la PCR y se secuencian como se describe en el Ejemplo 3 anterior, para verificar que las secuencias correctas de TEAB se introducen apropiadamente en las células de *Agrobacterium*.

*Ejemplo 5**Transformación de plantas de Arabidopsis thaliana con supuestos genes de TEAB*

Se transforman plantas de *Arabidopsis thaliana* Columbia (plantas T₀) usando el procedimiento de inmersión floral descrito por Clough y Bent (10) y por Desfeux et al. (11), con pequeñas modificaciones. Brevemente, se siembran plantas T₀ en macetas de 250 mL cargadas con una mezcla de crecimiento basada en turba húmeda. Las macetas se cubren con papel de aluminio y con un domo de plástico, se mantienen a 4 °C durante 3-4 días, después se destapan y se incuban en una cámara de cultivo a 18-24 °C con ciclos de luz/oscuridad de 16/8 horas. Las plantas T₀ están listas para la transformación seis días antes de la antesis.

Se generan colonias sencillas de *Agrobacterium* que llevan las construcciones binarias, como se describe en el Ejemplo 4 anterior. Las colonias se cultivan en medio LB complementado con kanamicina (50 mg/L) y gentamicina (50 mg/L). Los cultivos se incuban a 28 °C durante 48 horas con agitación intensa y después se centrifugan a 4000 rpm durante 5 minutos. Se resuspenden los sedimentos que comprenden las células de *Agrobacterium* en un medio de transformación que contiene Murashige-Skoog (2, 15 g/L) diluido al 50% (Duchefa); bencilamino purina 0,044 µM (Sigma); vitaminas Gambourg B5 112 µg/L (Sigma); sacarosa al 5%; y 0,2 ml/L de Silwet L-77 (OSI Specialists, CT) en agua doblemente destilada, a pH de 5,7.

La transformación de plantas T₀ se realiza invirtiendo cada planta en una suspensión de *Agrobacterium*, de tal manera que el tejido de la planta por encima del suelo se sumerge durante 3-5 segundos. Cada planta T₀ inoculada se coloca inmediatamente en una bandeja de plástico, después se cubre con un domo de plástico transparente para mantener la humedad y se mantiene en la oscuridad a temperatura ambiente durante 18 horas, para facilitar la infección y la transformación. Entonces se destapan las plantas transformadas (transgénicas) y se transfieren a un invernadero para su recuperación y maduración. Se cultivan las plantas transgénicas T₀ en el invernadero durante 3-5 semanas hasta que las silicuas se vuelven de color marrón y se secan. Se recogen las semillas de las plantas y se mantienen a temperatura ambiente hasta la siembra.

Para generar plantas transgénicas T₁ y T₂ que portan los genes, se esteriliza la superficie de las semillas recogidas de las plantas transgénicas T₀ sumergiéndolas en etanol al 70% durante 1 minuto, seguido de inmersión en hipocloruro de sodio al 5% y Triton al 0,05% durante 5 minutos. Las semillas con la superficie esterilizada se lavan minuciosamente en agua destilada estéril, luego se colocan en placas de cultivo que contienen Murashige-Skoog diluido al 50% (Duchefa); sacarosa al 2%; agar vegetal al 0,8%; kanamicina 50 mM; y carbenicilina 200 mM (Duchefa). Las placas de cultivo se incuban a 4 °C durante 48 horas, luego se transfieren a una sala de cultivo a 25 °C durante una semana de incubación más. Las plantas de *Arabidopsis* T₁ vitales se transfieren a placas de cultivo recientes durante otra semana de incubación. Tras la incubación, las plantas T₁ se retiran de las placas de cultivo y se plantan en macetas de 250 mL que contienen mezcla de crecimiento. Se deja que las plantas transgénicas se desarrollen en un invernadero hasta su madurez. Las semillas recogidas de las plantas T₁ se cultivan y crecen hasta la madurez como plantas T₂ en las mismas condiciones a las usadas para el cultivo y crecimiento de las plantas T₁.

*Ejemplo 6**TEAB mejorada en ensayo de cultivo de tejido*

Ensayo 1: crecimiento de plantas con estrés osmótico (PEG) en condiciones de cultivo de tejido - Las condiciones de estrés osmótico (PEG) se parecen a las de alta osmolaridad encontradas durante la sequía (por ejemplo, PEG8000 al 25%). Una de las consecuencias de la sequía es la inducción de estrés osmótico en la zona que rodea las raíces; por tanto, en muchos estudios científicos, el PEG sirve para simular sequía.

Se siembran semillas con la superficie esterilizada en medio basal (medio Murasige-Skoog (MS) al 50% complementado con agar vegetal al 0,8% como agente solidificante] en presencia de kanamicina (para seleccionar solo plantas transgénicas). Después de sembrar, las placas se transfieren durante 2-3 días a 4 °C para la estratificación y después se cultivan a 25 °C con ciclos diarios de 12 horas de luz, 12 horas de oscuridad, durante 7 a 10 días. En este momento, las plantas de semillero elegidas al azar se transfieren cuidadosamente a placas que contienen PEG al 25% en medio MS 0,5 o en condiciones normales (medio MS 0,5). Cada placa contiene 5 plantas de semillero del mismo evento, y 3-4 placas diferentes (copias) para cada evento. Para cada polinucleótido de la invención se analizan al menos cuatro eventos de transformación independientes de cada construcción. Las plantas que expresan los polinucleótidos de la invención se comparan con la medición promedio de las plantas de control. Como control se usan plantas transgénicas simuladas que expresan el gen indicador uidA (GUS-intrón - GUI) bajo el mismo promotor.

Obtención de imágenes digitales - Se usó un sistema de adquisición de imágenes de laboratorio, que consistía en una cámara réflex digital (Canon EOS 300D) conectada a una lente de longitud focal de 55 mm (serie Canon EF-S), montada sobre un dispositivo reproductor (Kaiser RS), que incluía 4 unidades de luz (4x bombillas de luz de 150 vatios) y localizado en una sala oscura, para capturar imágenes de plántulas cultivadas en placas cuadradas con agar.

El proceso de captura de imágenes se repitió cada 7 días comenzando el día 0 hasta el día 14. Se usó para capturar imágenes la misma cámara conectada a una lente de longitud focal de 24 mm (serie Canon EF), colocada en un montaje de hierro hecho a medida .

Se usó un sistema de análisis de imágenes, que consistía en un ordenador de escritorio personal (procesador Intel P4 3.0 GHz) y en un programa de dominio público - ImageJ 1.37 (programa de procesamiento de imágenes basado en Java que se desarrolló en el U.S. National Institutes of Health y gratuito en internet en el Protocolo de transferencia de hipertexto://rsbweb (.) nih (.) gov/). Las imágenes se capturaron en resolución de 6 megapíxeles (3072 x 2048 píxeles) y se almacenaron en un formato de la norma de JPEG (grupo conjunto de expertos en fotografía, de la expresión inglesa *Joint Photographic Experts Group*) de baja compresión. A continuación, los datos analizados se guardaron en archivos de texto y se procesaron usando el software de análisis estadístico JMP (SAS Institute).

Análisis de plantas de semillero - Usando el análisis digital se calcularon los datos de las plantas de semillero, incluyendo el área foliar, la cobertura radicular y la longitud radicular.

Se calculó la tasa de crecimiento relativo (TCR) se calculó según siguiente fórmula I.

Fórmula 1:

$$\text{Tasa del área de crecimiento relativo} = (\Delta \text{Área} / \Delta t) * (1 / \text{Área } t_0)$$

Δt es el día en curso de la imagen analizada restado del día inicial ($t-t_0$). Así, la tasa del área de crecimiento relativo es en unidades de 1/día y la tasa de crecimiento longitudinal es en unidades de 1/día.

Al final del experimento, las plántulas se retiraron de los medios y se pesaron para la determinación del peso fresco de la planta. La tasa de crecimiento relativo se determina comparando el área foliar, la longitud radicular y la cobertura radicular entre cada pareja de fotografías secuenciales, y los resultados se usan para resolver el efecto del gen introducido sobre el vigor de la planta, en condiciones de estrés osmótico, así como en condiciones óptimas. Similarmente, se determina el efecto del gen introducido sobre la acumulación de la biomasa, en condiciones de estrés, así como en condiciones óptimas, comparando el peso fresco de las plantas con las plantas de control (GUI).

Análisis estadísticos - Para identificar los genes y las construcciones superiores, se evalúan los resultados de los eventos de transformación independientes para la influencia global en el gen (efecto del gen) y para cada uno de los eventos ensayados (mejor evento). Se aplicaron la prueba de la t de Student, usando significancia de $p < 0,05$ o $p < 0,1$. Se usa el paquete de software estadístico JMP (Versión 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EE.UU.).

Resultados experimentales

Se ensayaron las secuencias de polinucleótidos de la invención para diversos rasgos deseados.

Las Tablas 5-6 representan el análisis del área foliar en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control, indicando A una diferencia a un nivel de significancia de $P < 0,05$ y A* una diferencia a un nivel de significancia de $P < 0,1$.

Tabla 5: Genes que muestran mejora del área foliar con PEG al 25%

Área foliar [cm ²], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,38	B	0,38	B		0,68	B	0,68	B
MAB1	0,49	A	0,63	A	67	0,72	B	6	0,80
MAB25	0,33	C	0,49	A	28	0,61	B	0,88	A

Tabla 5: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 6: Genes que muestran mejora del área foliar con PEG al 25%

Área foliar [cm^2], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,23	B	0,23	B		0,44	B	0,44	B
MAB15	0,25	B	0,32	A	43	0,36	B	0,48	B
MAB17	0,27	A	0,36	A	57	0,46	B	0,65	A
MAB18	0,30	A	0,36	A	57	0,39	B	0,51	B
MAB35	0,21	B	0,26	B	14	0,38	B	0,60	A

Tabla 6: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 7-9 representan el análisis de cobertura radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones de PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 7

Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	4,37	B	4,37	B		6,69	B	6,69	B
MAB1	7,17	A	10,32	A	136	9,25	A	9,73	A

Tabla 7: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 8

Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,04	B	4,04	B		11,09	B	11,09	B	
MAB15	4,53	B	5,60	A	39	10,10	B	11,74	B	6
MAB18	5,23	A	6,79	A	68	9,92	B	10,29	B	-7
MAB146	5,10	B	7,01	A	73	8,67	B	10,04	B	-9

Tabla 8: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 9

Cobertura radicular [cm ²], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	2,11	B	2,11	B		5,67	B	5,67	B
MAB18	2,05	B	2,75	B	30	5,40	B	8,76	A
MAB32	1,98	B	5,06	A	140	4,31	B	10,55	A
MAB35	2,62	B	3,82	A	81	7,19	A*	10,04	A
MAB4	3,03	A	5,64	A	168	7,38	A*	11,38	A
MAB146	1,84	B	3,65	A	73	5,05	B	9,21	A

Tabla 9: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 10-11 representan el análisis de la longitud radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 10

Longitud radicular [cm], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	4,71	A	4,71	A		5,71	B	5,71	B
MAB1	5,37	A	5,91	A	25	6,09	B	6,40	B

Tabla 10: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 11

Longitud radicular [cm], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	2,88	B	2,88	B		5,11	B	5,11	B
MAB18	3,22	B	4,29	A	49	4,86	B	6,33	B
MAB32	2,74	B	5,78	A	101	3,75	B	7,17	A
MAB35	3,35	A*	4,79	A	66	5,30	B	6,76	A
MAB4	3,25	B	4,80	A	67	5,24	B	7,32	A
MAB146	2,43	B	4,00	A	39	4,04	B	6,39	A

Tabla 11: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 12-13 representan el análisis del área foliar RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en 25% PEG. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 12

Área foliar RGR [cm ² /día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,46	B	0,46	B		0,12	B	0,12	B	
MAB1	0,68	A	1,47	A	222	0,20	A	0,30	A	151
MAB17	0,43	B	0,50	B	8	0,17	B	0,29	A	145
MAB35	0,65	A	0,71	A	54	0,19	A	0,23	A	93
MAB146	0,55	B	0,80	A	75	0,16	B	0,20	B	66

Tabla 12: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 13

Área foliar RGR [cm ² /día], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B	0,24	B	0,24	B	
MAB6	0,89	A	1,60	A	0,27	B	0,33	B	39

Tabla 13: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 14-18 representan el análisis de la cobertura radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 14

Cobertura radicular RGR [cm^2/día], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	
GUI	5,74	B	5,74	B	0,11	B	0,11	B	
MAB25	4,03	B	5,44	B	0,16	B	0,21	A	96
MAB44	5,32	B	7,79	B	0,17	B	0,28	A	155
Tabla 14: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.									

Tabla 15

Cobertura radicular RGR [cm^2/día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B		0,30	B	0,30	B	
MAB1	2,16	A	3,09	A	621	0,36	B	0,43	A	44
MAB15	1,55	A	2,81	A	555	0,30	B	0,33	B	9
MAB17	1,99	A	4,08	A	852	0,35	B	0,53	A	78
MAB18	1,44	A	1,90	A	343	0,29	B	0,36	B	19
MAB35	1,10	B	1,71	B	298	0,37	B	0,48	A	59
MAB146	2,16	A	4,03	A	841	0,30	B	0,41	A	38

Tabla 15: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 16

	Cobertura radicular RGR [cm²/día], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,27	B	1,27	B		0,08	B	0,08	B	
MAB100	1,26	B	1,52	B	19	0,12	B	0,19	A	131
MAB134	1,64	A*	2,20	A	73	0,08	B	0,12	B	48
MAB13	1,57	B	2,16	A	70	0,19	A	0,32	A	294
MAB15	1,61	A*	2,71	A	113	0,10	B	0,13	B	56
MAB17	2,15	A	2,24	A	76	0,13	B	0,15	B	88
MAB3_GA	1,52	B	2,02	A	58	0,09	B	0,12	B	45

Tabla 16: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 17

Cobertura radicular RGR [cm^2/día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,95	B	0,95	B		0,30	B	0,30	B	
MAB18	0,75	B	2,04	A	116	0,29	B	0,47	A	60
MAB35	1,44	A*	4,53	A	379	0,32	B	0,48	A	63
MAB4	1,28	B	2,17	A	129	0,29	B	0,44	A	49
MAB146	0,47	B	0,86	B	-9	0,35	B	0,45	A	52

Tabla 17: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 18

Cobertura radicular RGR [cm^2/día], PEG al 25%									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación			
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	1,66	B	1,66	B		0,21	B	0,21	B
MAB43	1,43	B	2,24	B	35	0,29	A	0,39	A
Tabla 18: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.									

Las Tablas 19-21 representan el análisis de la longitud radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 19

Longitud radicular RGR [cm/día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,09	B	0,09	B	
MAB1	0,46	A	0,58	A	148	0,12	A	0,14	A	58
MAB15	0,43	A	0,58	A	148	0,08	B	0,10	B	16
MAB17	0,45	A	0,57	A	147	0,11	A	0,16	A	87
MAB18	0,41	A	0,44	A	89	0,10	B	0,13	A	45
MAB35	0,31	B	0,37	A	59	0,10	B	0,13	A	51
MAB146	0,49	A	0,65	A	178	0,09	B	0,10	B	17

Tabla 19: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 20

Longitud radicular RGR [cm/día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B		0,07	B	0,07	B	
MAB134	0,28	A	0,33	A	68	0,07	B	0,08	B	16
MAB13	0,34	A	0,46	A	133	0,11	A	0,15	A	113
MAB1465	0,30	A	0,47	A	139	0,06	B	0,07	B	1
MAB1467	0,39	A	0,44	A	121	0,09	B	0,10	B	39
MAB3_GA	0,28	A	0,34	A	72	0,05	B	0,08	B	8

Tabla 20; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 21

Longitud radicular RGR [cm/día], PEG al 25%										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,29	B	0,29	B		0,11	B	0,11	B	
MAB14637	0,27	B	0,39	A	32	0,11	B	0,12	B	11
MAB43	0,33	B	0,49	A	66	0,14	A	0,17	A	60
MAB50	0,37	A	0,53	A	82	0,13	B	0,15	A	45
MAB6	0,33	B	0,43	A	47	0,12	B	0,15	B	38

Tabla 21; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 22-23 representan el análisis del peso fresco de plantas en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en PEG al 25%. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 22

ID de gen	Peso fresco de plantas [g], PEG al 25%				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB15	0,25	B	0,30	A	51
MAB18	0,21	B	0,26	A	33

Tabla 22; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 23

ID de gen	Peso fresco de plantas [g], PEG al 25%				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,18	B	0,18	B	
MAB17	0,22	B	0,29	A	66
MAB3_GA	0,18	B	0,27	A	53

Tabla 23; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 24-27 representan el análisis del área foliar en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 24

Área foliar [cm^2], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	
GUI	0,49	B	0,49	B	0,82	B	0,82	B	
MAB1	0,65	A	0,73	A	1,00	A	1,13	A	38

Tabla 24: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 25

Área foliar [cm^2], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	
GUI	0,24	B	0,24	B	0,56	B	0,56	B	
MAB17	0,31	A	0,34	A	0,73	A	0,90	A	61
MAB18	0,29	A	0,37	A	0,69	A	0,79	A	42

Tabla 25: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 26

Área foliar [cm^2], condiciones normales										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B		0,98	B	0,98	B	
MAB15	0,46	A*	0,61	A	57	1,22	A	1,38	A	41
MAB17	0,46	A*	0,57	A	47	1,13	A*	1,32	A	34
MAB3_GA	0,38	B	0,56	A	45	0,97	B	1,38	A	40
Tabla 26: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.										

Tabla 27

Área foliar [cm^2], Normal condiciones									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	
GUI	0,34	B	0,34	B	0,67	B	0,67	B	
MAB6	0,32	B	0,41	A	0,60	B	0,74	B	0,60

Tabla 27: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 28-31 representan el análisis de la cobertura radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 28

Cobertura radicular [cm ²], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	3,34	B	3,34	B		11,61	B	11,61	B
MAB18	3,31	B	4,78	A	43	10,66	B	13,30	B

Tabla 28: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 29

	Cobertura radicular [cm²], condiciones normales				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	5,40	B	5,40	B	
MAB100	5,05	B	7,06	A	31
Tabla 29: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 30

Cobertura radicular [cm ²], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	3,53	B	3,53	B		8,52	B	8,52	B
MAB18	4,17	A*	5,30	A	50	9,81	A*	12,89	A
MAB32	2,55	B	4,71	A	33	6,40	B	12,37	A
MAB35	3,73	B	4,59	A	30	8,55	B	11,12	A
MAB46	2,46	B	3,42	B	-3	6,55	B	10,98	A
MAB146	2,33	B	3,95	B	12	7,05	B	10,86	A

Tabla 30: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 31

Cobertura radicular [cm^2], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	3,73	B	3,73	B		7,11	B	7,11	B
MAB6	3,63	B	4,94	A	33	6,30	B	8,00	B

Tabla 31: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 32-33 representan el análisis de la longitud radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 32

Longitud radicular [cm], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	5,89		5,89	B		6,82	B	6,82	B
MAB146	6,73		7,39	A	26	7,02	B	7,63	B
MAB10	5,45		8,07	A	37	5,83	B	8,18	B

Tabla 32: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 33

Longitud radicular [cm], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	3,96	B	3,96	B		6,51	B	6,51	B
MAB18	5,07	A	5,70	A	44	7,08	A	8,03	A
MAB32	3,68	B	6,12	A	55	5,82	B	8,22	A
MAB35	4,58	A	5,76	A	46	6,77	B	7,75	A
MAB46	3,39	B	4,31	B	9	5,55	B	7,42	A
MAB146	3,14	B	4,82	A	22	5,47	B	7,48	A

Tabla 33: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 34-36 representan el análisis del área foliar RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 34

Área foliar RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,43	B	0,43	B		0,20	B	0,20	B
MAB15	0,79	A	1,25	A	189	0,21	B	0,27	B
MAB146	0,62	B	0,97	A	124	0,15	C	0,18	B

Tabla 34: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 35

Área foliar RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,73	B	0,73	B		0,21	B	0,21	B
MAB100	0,72	B	1,00	A	37	0,27	B	0,32	A
MABB134	0,85	B	0,92	B	27	0,31	A	0,37	A
MAB15	0,88	A*	1,24	A	70	0,28	B	0,33	A
MAB17	0,91	A	1,18	A	62	0,26	B	0,33	A
MAB3_GA	0,88	B	1,16	A	59	0,27	B	0,31	B

Tabla 35: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 36

Área foliar RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,92	B				0,29	B	0,29	B
MAB32	0,95	B	1,31	A	43	0,28	B	0,31	B

Tabla 36: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 37-41 representan el análisis de la cobertura radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 37

Cobertura radicular RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	5,62	B	5,62	B		0,18	B	0,18	B
MAB10	7,69	B	15,10	A	168	0,08	B	0,14	B
MAB44	5,28	B	11,69	A	108	0,13	B	0,17	B

Tabla 37: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 38

Cobertura radicular RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,23	B	0,23	B		0,40	B	0,40	B
MAB1	0,90	A	1,23	A	444	0,33	B	0,42	B
MAB15	1,06	A	1,65	A	628	0,34	B	0,42	B
MAB18	0,94	A	1,76	A	677	0,37	B	0,52	B
MAB35	0,56	B	1,00	A	342	0,38	B	0,41	B
MAB146	0,80	A	1,09	A	381	0,35	B	0,50	B

Tabla 38: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 39

Cobertura radicular RGR [cm/día], condiciones normales										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,64	B	1,64	B		0,12	B	0,12	B	
MAB134	3,09	A	4,38	A	167	0,14	B	0,17	B	35
MAB13	2,47	A	2,82	A	72	0,11	B	0,13	B	6
MAB15	1,96	B	2,75	A	68	0,15	B	0,16	B	33
MAB17	2,09	B	3,09	A	89	0,15	B	0,20	A	60

Tabla 39: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 40

Cobertura radicular RGR [cm/día], condiciones normales										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	2,53	B	2,53	B		0,24	B	0,24	B	
MAB35	1,66	B	4,14	A	63	0,29	B	0,54	A	123
MAB4	1,46	B	2,64	B	4	0,32	B	0,42	A	73
MAB146	0,62	B	0,95	B	-63	0,41	A	0,75	A	207

Tabla 40: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 41

Cobertura radicular RGR [cm/día], condiciones normales									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	1,08	B	1,08	B		0,31	B	0,31	B
MAB137	1,36	B	2,03	A	88	0,26	B	0,31	B
MAB43	1,39	B	2,35	A	118	0,23	B	0,27	B
MAB50	1,57	A	1,98	A	83	0,27	B	0,30	B
MAB6	1,16	B	1,94	A	80	0,25	B	0,29	B
MAB99	1,48	A	2,63	A	144	0,21	B	0,27	B

Tabla 41: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 42-46 representan el análisis de la longitud radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 42

Longitud radicular RGR [cm/día], condiciones normales					
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,07	B	1,07	B	
MAB10	1,29	B	2,01	A	88

Tabla 42: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 43

Longitud radicular RGR [cm/día], condiciones normales					
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB1	0,26	A	0,34	A	93
MAB15	0,32	A	0,45	A	156
MAB17	0,24	A	0,28	A	61
MAB18	0,30	A	0,41	A	136
MAB146	0,26	A	0,34	A	93

Tabla 43: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 44

Longitud radicular RGR [cm/día], condiciones normales										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,29	B	0,29	B		0,08	B	0,08	B	
MAB100	0,36	B	0,39	B	31	0,08	B	0,13	A	67
MAB134	0,51	A	0,63	A	115	0,08	B	0,09	B	23
MAB13	0,50	A	0,61	A	107	0,08	B	0,09	B	19
MAB15	0,40	A	0,53	A	79	0,08	B	0,09	B	19
MAB17	0,38	A*	0,44	A	49	0,10	A	0,13	A	70

Tabla 44: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 45

	Longitud radicular RGR [cm/día], condiciones normales				
ID de gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB32	0,11	B	0,15	A	35
MAB35	0,11	B	0,20	A	76
MAB4	0,11	B	0,17	A	50
MAB146	0,15	A	0,19	A	71

Tabla 45: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI);); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 46

Longitud radicular RGR [cm/día], condiciones normales										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,31	B	0,31	B		0,12	B	0,12	B	
MAB137	0,33	B	0,40	A	31	0,11	B	0,12	B	-1
MAB43	0,33	B	0,44	A	41	0,11	B	0,12	B	-2
MAB50	0,39	A	0,42	A	35	0,13	B	0,17	A	34
MAB6	0,30	B	0,41	A	33	0,12	B	0,18	A	41

Tabla 46: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 47-48 representan el análisis del peso fresco de plantas en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones normales. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 47

Peso fresco de plantas [g], condiciones normales					
ID de gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B	0,15	B	
MAB15	0,24	A	0,28	A	93
MAB17	0,21	A	0,25	A	73
MAB18	0,22	A	0,29	A	101

Tabla 47: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 48

Peso fresco de plantas [g], condiciones normales					
ID de gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB100	0,28	A*	0,33	A	62
MAB134	0,23	B	0,34	A	64
MAB13	0,31	A	0,35	A	73
MAB15	0,38	A	0,42	A	106
MAB17	0,37	A	0,53	A	159
MAB3_GA	0,28	A*	0,40	A	94

Tabla 48: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Ensayo 2: crecimiento de las plantas con deficiencia de nitrógeno, en condiciones de cultivo tisular - Los presentes inventores han encontrado que el ensayo EUN (eficiencia de la utilización de nitrógeno) es relevante para la evaluación de los genes de TEAB candidatos, puesto que una deficiencia de EUN promueve el alargamiento radicular, aumenta la cobertura radicular y permite detectar el potencial de la planta para generar un mejor sistema radicular en condiciones de sequía. Además, en la bibliografía (Wesley et al., 2002 Journal of Experiment Botany Vol. 53, N° 366, pp. 13-25) existen indicios de que están relacionados los mecanismos biológicos de la EUN y de la tolerancia a la sequía.

Se siembra semillas esterilizadas en la superficie en medio basal [medio Murashige-Skoog (MS) al 50% complementado con agar vegetal al 0,8% como agente solidificante] en presencia de kanamicina (para seleccionar solo plantas transgénicas). Después de sembrar, las placas se transfirieron durante 2-3 días a 4 °C para la estratificación y después crecieron a 25 °C con ciclos diarios de 12 horas de luz, 12 horas de oscuridad, durante 7 a 10 días. En este momento, las plantas de semillero elegidas al azar se transfieren cuidadosamente a placas que contienen condiciones limitantes de nitrógeno: medio MS 0,5 en el que la concentración de nitrógeno combinado (NH_4NO_3 y KNO_3) es 0,75 mM (condiciones con déficit de nitrógeno) o a placas que contienen condiciones de nitrógeno normales: medio 0,5 MS en el que la concentración de nitrógeno combinado (NH_4NO_3 y KNO_3) es 3 mM (concentración normal de nitrógeno). Todos los experimentos de cultivo tisular se cultivaron al mismo tiempo (EUN, PEG y normal). Los resultados del crecimiento en condiciones normales para EUN son los mismos que para PEG y se presentan en el ensayo 1. Cada placa contiene 5 plantas de semillero del mismo evento, y 3-4 placas diferentes (copias) para cada evento. Para cada polinucleótido de la invención se analizan al menos cuatro eventos de transformación

independientes de cada construcción. Las plantas que expresan los polinucleótidos de la invención se comparan con la medición promedio de las placas de control (GUI - que lleva el gen GUS bajo el mismo promotor) usadas en el mismo experimento.

5 *Obtención de imágenes digitales y análisis estadístico* - Se midieron y se analizaron los parámetros como se describe en el *Ensayo 1* anterior.

Resultados experimentales - Las secuencias de polinucleótidos de la invención se ensayaron para diversos rasgos deseados.

10 Las Tablas 49-53 representan análisis del área foliar en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados con la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 49

Área foliar [cm ²], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B		0,41	B	0,41	B	
MAB1	0,49	B	0,65	A	44	0,50	A	0,55	A	35
MAB10	0,46	B	0,62	A	38	0,51	A	0,69	A	68
MAB6	0,42	B	0,53	B	17	0,49	B	0,61	A	49

Tabla 49: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 50

Área foliar [cm ²], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,41	B	0,41	B	
MAB1	0,22	B	0,24	B	5	0,50	A	0,55	A	35
MAB15	0,25	B	0,32	A	43	0,51	A	0,69	A	68
MAB17	0,27	A	0,36	A	57	0,55	A	0,70	A	72
MAB18	0,30	A	0,36	A	57	0,59	A	0,73	A	80
MAB35	0,21	B	0,26	B	14	0,49	B	0,61	A	49
MAB146	0,26	B	0,28	B	23	0,55	A	0,60	A	48

Tabla 50: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 51

	Área foliar [cm²], EUN 0,75 mM				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB17	0,32	B	0,44	A	31
MAB3_GA	0,32	B	0,44	A	31
Tabla 51: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 52

Área foliar [cm ²], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,21	B	0,21	B		0,63	B	0,63	B	
MAB18	0,23	B	0,31	A	50	0,58	B	0,77	A	22
MAB4	0,20	B	0,31	A	48	0,54	B	0,82	A	30
MAB146	0,21	B	0,29	A	41	0,48	C	0,59	B	-6

Tabla 52: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 53

Área foliar [cm ²], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,27	B	0,27	B		0,51	B	0,51	B	
MAB43	0,25	B	0,35	A	29	0,47	B	0,60	B	18
MAB50	0,28	B	0,32	B	19	0,54	B	0,66	A	31
MAB6	0,28	B	0,35	A	28	0,54	B	0,69	A	35
MAB66	0,28	B	0,34	A	25	0,51	B	0,59	B	17
MAB99	0,27	B	0,35	A	28	0,51	B	0,59	B	16

Tabla 53: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 54-57 representan el análisis de la cobertura radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 54

Cobertura radicular [cm^2], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	6,18	B	6,18	B		14,36	B	14,36	B	
MAB1	7,33	B	8,56	A	39	13,18	B	16,22	B	13
MAB10	7,93	A	10,38	A	68	13,32	B	14,67	B	2
MAB25	5,83	B	6,93	B	12	11,12	A	13,90	B	-3
MAB44	5,37	B	9,93	A	61	11,14	A	17,59	B	22
MAB6	6,88	B	9,31	A	51	12,79	B	15,66	B	9

Tabla 54: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 55

Cobertura radicular [cm ²], EUN 0,75 mM									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	
GUI	4,04	B	4,04	B	12,24	B	12,24	B	
MAB15	4,53	B	5,60	A	13,70	B	16,40	A	34
MAB17	4,15	B	4,85	B	13,16	B	15,06	A	23
MAB18	5,23	A	6,79	A	14,4	A	15,52	A	27
MAB35	4,03	B	4,90	B	13,95	B	15,62	A	28
MAB146	5,10	B	7,01	A	14,65	A	15,70	A	28

Tabla 55; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 56

Cobertura radicular [cm ²], EUN 0,75 mM										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,14	B	3,14	B		10,88	B	10,88	B	
MAB18	5,39	A	7,64	A	144	12,76	B	16,64	A	53
MAB32	3,58	B	7,13	A	127	9,79	B	16,22	A	49
MAB35	5,00	A	6,49	A	107	13,31	A	15,36	A	41
MAB4	4,16	B	7,34	A	134	12,00	B	16,52	A	52
MAB46	3,01	B	3,78	B	21	8,35	C	12,09	B	11
MAB146	4,22	B	7,34	A	134	11,48	B	14,98	A	38

Tabla 56: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 57

Cobertura radicular [cm^2], EUN 0,75 mM									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				% de mejora del mejor evento
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	465	B	4,56	B		9,81	B	9.81	B
MAB6	5,66	A	7,98	A	75	10,61	B	14.87	A
MAB66	5,83	A	6,58	A	44	10,31	B	11.49	B

Tabla 57: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 58-61 representan el análisis de la longitud radicular en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 58

ID de gen	Longitud radicular [cm], EUN 0,75 mM				
	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	6,31	B	6,31	B	
MAB44	5,34	B	7,07	A	12
Tabla 58; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 59

Longitud radicular [cm], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,55	B	4,55	B		7,23	B	7,23	B	
MAB15	4,48	B	5,40	A	19	6,93	B	7,49	B	4
MAB18	4,61	B	5,48	A	20	7,59	B	7,86	B	9
MAB146	4,70	B	5,20	B	14	7,66	B	7,95	A	10

Tabla 59; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 60

Longitud radicular [cm], EUN 0,75 mM										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	3,61	B	3,61	B		6,15	B	6,15	B	
MAB18	4,93	A	6,44	A	79	7,30	A	8,11	A	32
MAB32	4,02	B	6,48	A	80	6,53	B	8,51	A	38
MAB35	4,70	A	5,47	A	52	7,20	A	7,46	A	21
MAB4	4,06	A*	5,54	A	54	6,60	B	8,02	A	30
MAB146	3,77	B	5,54	A	54	6,09	B	7,19	A	17

Tabla 60; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 61

	Longitud radicular [cm], EUN 0,75 mM				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	4,87	B	4,87	B	
MAB66	5,27	B	5,74	A	18
Tabla 61; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Las Tablas 62-64 representan el análisis del área foliar RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 62

Área foliar RGR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,46	B	0,46	B		0,12	B	0,12	B	
MAB1	0,68	A	1,47	A	222	0,20	A	0,30	A	151
MAB17	0,43	B	0,50	B	8	0,17	B	0,29	A	145
MAB35	0,65	A	0,71	A	54	0,19	A	0,23	A	93
MAB146	0,55	B	0,80	A	75	0,16	B	0,20	B	66

Tabla 62; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a P < 0,05, A* significa diferencia significativa a P < 0,1. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 63

	Área foliar RGR [cm/día], EUN 0,75 mM				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,80	B	0,80	B	
MAB18	0,87	B	1,24	A	56
MAB32	0,94	B	1,53	A	91
MAB35	0,96	B	1,21	A	51
MAB4	0,71	B	0,81	B	1
MAB46	0,64	B	0,75	B	-7
MAB146	0,82	B	1,04	B	30

Tabla 63; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 64

Área foliar RGR [cm/día], EUN 0,75 mm									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	1,22	B	1,22	B		0,28	B	0,28	B
MAB137	2,12	B	5,12	A	319	0,29	B	0,35	B
MAB43	1,94	B	5,18	A	323	0,29	B	0,35	B
MAB50	1,15	B	1,76	B	44	0,32	B	0,41	A

Tabla 64; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 65-69 representan el análisis de la cobertura radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gene. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B, C) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 65

Cobertura radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	5,35	B	5,35	B		0,28	B	0,28	B
MAB25	7,38	B	11,62	A	117	0,19	C	0,26	B
MAB44	7,19	B	11,52	A	115	0,26	B	0,35	B

Tabla 65: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 66

Cobertura radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B		0,30	B	0,30	B	
MAB1	2,16	A	3,09	A	621	0,36	B	0,43	A	44
MAB15	1,55	A	2,81	A	555	0,30	B	0,33	B	9
MAB17	1,99	A	4,08	A	852	0,35	B	0,53	A	78
MAB18	1,44	A	1,90	A	343	0,29	B	0,36	B	19
MAB35	1,10	B	1,71	B	298	0,37	B	0,48	A	59
MAB146	2,16	A	4,03	A	841	0,30	B	0,41	A	38

Tabla 66: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 67

	Cobertura radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mM				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	2,30	B	2,30	B	
MAB100	2,85	B	4,02	A	74
MAB134	4,27	A	5,99	A	160
MAB13	3,95	A	4,84	A	110
MAB15	3,05	A*	3,97	A	73
MAB17	2,96	B	3,76	A	63

Tabla 67; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 68

Cobertura radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm									
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	2,28	B	2,28	B		0,44	B	0,44	B
MAB35	2,02	B	4,82	A	111	0,33	B	0,53	B
MAB4	1,80	B	2,90	B	27	0,40	B	0,63	A
Tabla 68; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.									

Tabla 69

	Cobertura radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mM				
ID de gen	Día 7 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	1,60	B	1,60	B	
MAB137	2,19	A	2,55	B	60
MAB43	2,00	B	2,75	A	72
MAB50	2,26	A	3,28	A	105
MAB6	2,45	A	2,96	A	85
MAB66	1,81	B	2,87	A	80
MAB99	2,25	A	3,73	A	133

Tabla 69; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 70-74 representan el análisis de la longitud radicular RGR en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 70

Longitud radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm									
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación			
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*
GUI	0,99	B	0.99	B		0,04	B	0,04	B
MAB44	1,10	B	1.64	A	65	0,06	B	0,09	A
Tabla 70: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.									
									108

Tabla 71

Longitud radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B		0,09	B	0,09	B	
MAB1	0,46	A	0,58	A	148	0,12	A	0,14	A	58
MAB	0,43	A	0,58	A	148	0,08	B	0,10	B	16
MAB17	0,45	A	0,57	A	147	0,11	A	0,16	A	87
MAB18	0,41	A	0,44	A	89	0,10	B	0,13	A	45
MAB	0,31	B	0,37	A	59	0,10	B	0,13	A	51

Tabla 71: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 72

Longitud radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mM										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,35	B	0,35	B		0,06	B	0,06	B	
MAB100	0,46	A	0,61	A	73	0,08	B	0,11	A	80
MAB134	0,62	A	0,73	A	107	0,09	A	0,10	A	60
MAB13	0,69	A	0,84	A	140	0,08	B	0,11	A	66
MAB15	0,52	A	0,58	A	66	0,07	B	0,09	B	44
MAB17	0,52	A	0,64	A	81	0,08	B	0,09	A	44
MAB3_GA	0,44	B	0,51	A	46	0,07	B	0,09	B	38

Tabla 72: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 73

Longitud radicular RGR cm/día], EUN 0,75 mM										
ID de gen	Día 7 desde la plantación					Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,61	B	0,61	B		0,12	B	0,12	B	
MAB35	0,52	B	0,91	A	48	0,10	B	0,16	B	29
MAB	0,53	B	0,65	B	6	0,12	B	0,19	A	52
MAB146	0,37	C	0,42	B	-31	0,12	B	0,17	A	39

Tabla 73; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 74

Longitud radicular RGR [cm/día], EUN 0,75 mm										
ID de gen	Día 7 desde la plantación				Día 10 desde la plantación					
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,36	B	0,36	B		0,11	B	0,11	B	
MAB137	0,46	A	0,55	A	52	0,13	B	0,18	A	72
MAB43	0,41	B	0,53	A	47	0,12	B	0,14	B	30
MAB5	0,4	A	0,57	A	59	0,12	B	0,16	A	46
MAB6	0,53	A	0,64	A	79	0,10	B	0,12	B	9
MAB66	0,41	B	0,55	A	54	0,10	B	0,12	B	9
MAB99	0,47	A	0,62	A	74	0,10	B	0,13	B	19

Tabla 74: LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 75-76 representan el análisis del peso fresco de plantas en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669 en condiciones con déficit de nitrógeno. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 75

Peso fresco de plantas [g], EUN 0,75 mM					
ID de gen	Día 14 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B			
MAB1	0,25	A	0,46	A	208
MAB6	0,20	B	0,29	A	95

Tabla 75; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 76

Peso fresco de plantas [g], EUN 0,75 mM					
ID de gen	Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia*	Mejor evento LSM	Significancia*	% de mejora del mejor evento
GUI	0,15	B			
MAB137	0,18	A	0,19	A	31
MAB50	0,16	B	0,22	A	49
MAB6	0,16	B	0,22	A	52
MAB66	0,15	B	0,19	A	32

Tabla 76; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Ejemplo 7**TEAB mejorada en ensayos de invernadero**

- 10 **Tolerancia a EAB: Tasa de rendimiento y de crecimiento de las plantas a concentración de alta salinidad en condiciones de invernadero** - Este ensayo obedece al crecimiento del área de la roseta de plantas que crecen en invernadero, así como al rendimiento de las semillas con riego de alta salinidad. Las semillas se sembraron en medio con agar complementado solo con un agente de selección (kanamicina) y disolución de Hoagland en condiciones de vivero. Las plantas de semillero transgénicas T₂ se trasplantaron después en bandejas de 1,7 cargadas con turba y perlita. Las bandejas se regaron con agua corriente (proporcionada desde la base de las macetas). La mitad de las
- 15 plantas se regó con una solución salina (NaCl 40-80 mM y CaCl₂ 5 mM) para inducir estrés por salinidad (condiciones de estrés). La otra mitad de las plantas continuó regándose con agua corriente (condiciones normales). Todas las plantas crecieron en el invernadero hasta que las plantas alcanzaron el estadio de semillas maduras, después se recogieron (el tejido por encima del suelo) y se pesaron (inmediatamente o después de secar en un horno a 50 °C durante 24 horas). Las condiciones de alta salinidad se logran regando con una disolución que contiene NaCl 40-80
- 20 mM (condiciones de crecimiento con "EAB") y se comparan con condiciones de crecimiento regulares.

Se analizó el tamaño, la tasa de crecimiento, el rendimiento de las semillas y el peso de 1.000 semillas, la materia seca y el índice de cosecha (IC - rendimiento de semilla/materia seca) global de las plantas. Se comparó el rendimiento de las plantas transgénicas con el de las plantas de control que crecían en paralelo en las mismas condiciones. Como control se usaron plantas transgénicas simuladas que expresaban el gen indicador uidA (GUS-intrón - GUI) bajo el mismo promotor.

25 El experimento se planifica en una distribución en parcelas aleatorizada anidada. Las condiciones de alta salinidad se logran regando con una disolución que contenía NaCl 40-80 mM (condiciones de crecimiento con "EAB").

Obtención de imágenes digitales - Se usó un sistema de adquisición de imágenes de laboratorio, que consistía en una cámara réflex digital (Canon EOS 300D) acoplada a una lente de longitud focal de 55 mm (serie Canon EF-S), montada en un dispositivo reproductor (Kaiser RS), que incluía 4 unidades de luz (4x bombillas de luz de 150 vatios) para capturar imágenes de las plántulas.

- 5 El proceso de captura de imágenes se repitió cada 2-3 días comenzando el día 1 después de sembrar hasta el día 10. La misma cámara acoplada con una lente de longitud focal de 24 mm (serie Canon EF), colocada en un montaje de hierro fabricado a medida, se usó para capturar imágenes de plantas más grandes sembradas en macetones blancos en un invernadero con ambiente controlado (como se observa en las Figuras 2a-b). Los macetones, que eran cuadrados, incluían bandejas de 1,7 litros. Durante el proceso de captura, las bandejas se colocaron debajo del montaje de hierro, evitando la luz solar directa y la proyección de sombras. Este proceso se repitió cada 2-3 días durante hasta 10 días.

- 10 Se usó un sistema de análisis de imágenes, que consistía en un ordenador de escritorio personal (procesador Intel P4 3.0 GHz) y en un programa de dominio público - ImageJ 1.37 (programa de procesamiento de imágenes basado en Java que se desarrolló en el U.S. National Institutes of Health y gratuito en internet en el Protocolo de transferencia de hipertexto://rsbweb (.) nih (.) gov/). Las imágenes se capturaron en resolución de 6 megapíxeles (3072 x 2048 píxeles) y se almacenaron en un formato JPEG (grupo conjunto de expertos en fotografía) de baja compresión. A continuación, los datos analizados se guardaron en archivos de texto y se procesaron usando el software de análisis estadístico JMP (SAS Institute).

- 20 *Análisis de los parámetros vegetativos* - Usando los análisis digitales se calcularon los datos de las hojas, incluyendo el área foliar promedio, el diámetro de la roseta y el área de la roseta. La tasa de crecimiento relativo (TCR) de los parámetros de la roseta se calculó según la Fórmula I, como se describe en el Ejemplo 6. El día 80 desde la siembra, las plantas se recogieron y se dejaron secar a 30 °C en una cámara de secado. Se separó la biomasa y el peso de las semillas de cada parcela, se midió y se dividió entre el número de plantas. El peso seco es = peso total de la parte vegetativa por encima del suelo (excluyendo las raíces) después del secado a 30 °C en una cámara de secado; rendimiento de semilla por planta = peso de semilla total por planta (g).

25 Se determinó el peso de 1000 semillas de la siguiente manera: las semillas se diseminaron en una bandeja de vidrio y se hizo una foto. Se pesó cada muestra y después, usando el análisis digital, se calculó el número de semillas de cada muestra. Se calculó el peso de 1000 semillas usando la Fórmula II:

Fórmula II

- 30
$$\text{Peso de 1000 semillas} = \text{número de semillas en la muestra} / \text{peso de la muestra} \times 1000$$

Índice de cosecha - El índice de cosecha se calculó usando la Fórmula III

Fórmula III:

$$\text{Índice de cosecha} = \text{Rendimiento de semilla promedio por planta} / \text{peso seco promedio}$$

- 35 Cada construcción se valida en su generación T2. Como control se usan plantas transgénicas que expresaban el gen indicador uidA (GUI) bajo el mismo promotor.

- 40 *Análisis estadísticos* - Para identificar genes que confieren tolerancia significativamente mejorada al estrés abiótico o una arquitectura radicular alargada, se comparan los resultados obtenidos de las plantas transgénicas con los obtenidos de las plantas de control. Para identificar los genes y las construcciones con comportamiento superior, se analizan por separado los resultados de los eventos de transformación independientes ensayados. Además, también se analizan los genes y las construcciones teniendo en cuenta los resultados obtenidos de todos los eventos de transformación independientes ensayados en la construcción específica. Para los análisis de los genes frente a los controles, se aplicó la prueba de la t de Student, usando una significancia de $P < 0,05$ o de $P < 0,1$. Se usa el paquete de software estadístico JMP (Versión 5.2.1, SAS Institute Inc., Cary, NC, EE.UU.).

Resultados experimentales

- 45 Se ensayaron las secuencias de polinucleótidos de la invención para diversos rasgos deseados.

Las Tablas 77-86 representan el análisis del área de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

50

Tabla 77

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,58	B	0,58	B	
MAB20	0,59	B	0,84	A	43
MAB50	0,57	B	0,88	A	51

Tabla 77; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 78

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,27	B	1,27	B	
MAB20	1,20	B	1,73	a	36
MAB50	1,21	B	2,04	a	61

Tabla 78; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 79

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	3,62	B	3,62	B	
MAB20	3,97	B	5,18	A	43
MAB50	3,88	B	6,11	A	69

Tabla 79; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 80

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	7,22	B	7,22	B	
MAB50	6,75	B	10,18	A	41

Tabla 80; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 81

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,63	B	1,63	B	
MAB1	2,03	A	2,29	A	40
MAB6	1,34	B	2,40	A	47

Tabla 78; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 82

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,88	B	2,88	B	
MAB1	3,41	A*	3,76	A	31

Tabla 82; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 83

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,73	B	0,73	B	
MAB1	0,77	B	0,91	A	25

Tabla 83; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 84

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,41	B	1,41	B	
MAB1	1,62	A*	2,02	A	44
MAB17	1,14	B	1,80	A	28

Tabla 84; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 85

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,37	B	2,37	B	
MAB1	2,59	B	3,56	A	50
MAB13	2,45	B	3,44	A	45
MAB17	1,96	C	3,10	A	31

Tabla 85; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 86

ID de gen	Área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,67	B	4,67	B	
MAB1	5,37	A*	7,93	A	70
MAB15	4,78	B	6,08	A	30
MAB17	4,02	B	6,19	A	32
MAB3_GA	4,39	B	6,07	A	30

Tabla 86; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 87-96 representan el análisis del diámetro de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 87

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,50	B	1,50	B	
MAB50	1,35	B	1,80	A	20

Tabla 87; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 88

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,05	B	2,05	B	
MAB50	1,82	C	2,44	A	19

Tabla 88; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 89

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	3,23	B	3,23	B	
MAB50	3,16	B	4,12	A	27

Tabla 89; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 90

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,47	B	4,47	B	
MAB50	4,20	B	5,31	A	19

Tabla 90; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 91

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,25	B	2,25	B	
MAB1	2,60	A	2,78	A	23

Tabla 91; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 92

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,87	B	2,87	B	
MAB1	3,27	A*	9,25	A	223
MAB20	2,63	B	9,69	A	238
MAB6	2,51	B	10,00	A	249

Tabla 92; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 93

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,90	B	4,90	B	
MAB6	4,35	B	6,26	A	28

Tabla 93; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 94

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,05	B	2,05	B	
MAB1	2,22	B	2,55	A	25

Tabla 94; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 95

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,56	B	2,56	B	
MAB1	2,78	B	3,29	A	29
MAB3_GA	2,56	B	3,04	A	19

Tabla 95; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 96

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	3,52	B	3,52	B	
MAB1	3,79	B	4,76	A	35
MAB17	3,24	B	4,14	A	17
MAB3_GA	3,44	B	4,12	A	17

Tabla 96; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 97-105 representan el análisis del área promedio foliar en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 97

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,10	B	0,10	B	
MAB25	0,10	B	0,13	A	30

Tabla 97; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 98

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB50	0,15	B	0,23	A	45

Tabla 98; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 99

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B	
MAB50	0,41	B	0,61	A	34

Tabla 99; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 100

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,74	B	0,74	B	
MAB50	0,66	B	0,92	A	25

Tabla 100; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 101

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,25	A	0,28	A	43
MAB6	0,18	B	0,30	A	51
MAB7	0,23	B	0,27	A	36

Tabla 101; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 102

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69	B	
MAB1	0,80	A*	0,86	A*	24
MAB20	0,62	B	0,87	A	25
MAB6	0,59	B	0,99	A	44

Tabla 102; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 103

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,22	B	0,27	A	30
MAB17	-	-	0,25	A	21

Tabla 103; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 104

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B	0.28	B	
MAB1	0,30	B	0.37	A	33
MAB17	0,24	B	0.34	A	22

Tabla 104; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 105

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B	
MAB1	0,55	B	0,76	A	53
MAB15	0,52	B	0,63	A	26
MAB17	0,45	B	0,64	A	28

Tabla 105; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5 Las Tablas 106-111 representan el análisis de la TCR del área de roseta [cm²] de plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 106

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,73	B	0,73	B	
MAB10	1,21	B	1,86	A	156
MAB14	1,31	B	1,80	A	149
MAB2	1,59	A	2,24	A	208
MAB20	1,87	A	2,33	A	221
MAB25	1,44	A	1,63	A*	125
MAB36	1,49	A	1,89	A	161
MAB43	1,73	A	3,85	A	430
MAB44	1,76	A	2,51	A	246
MAB50	1,37	A*	1,57	A*	117
MAB9	1,47	A	1,75	A	141

Tabla 106; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 107

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,61	B	0,61	B	
MAB10	0,75	A*	0,91	A	50
MAB14	0,79	A	0,86	B	42
MAB19	0,78	A	0,85	A	41
MAB2	0,80	A	0,93	A	54
MAB20	0,79	A	0,98	A	61
MAB36	0,83	A	0,95	A	56
MAB44	0,75	A*	0,84	A	38
MAB50	0,76	A*	0,83	B	38
MAB6	0,82	A	0,99	A	64
MAB7	0,78	A	0,87	A	44
MAB9	0,77	A	0,84	A	38

Tabla 107; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 108

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB6	0,37	B	0,51	A	33

Tabla 108; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 109

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,88	B	0,88	B	
MAB18	0,99	A*	1,24	A	41

Tabla ; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 110

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,47	B	0,47	B	
MAB1	0,55	A	0,64	A	38
MAB13	0,52	A	0,54	A*	16
MAB17	0,52	A	0,54	A*	17
MAB18	0,53	A	0,58	A	24
MAB3_GA	0,53	A	0,62	A	33
MAB32	0,52	A*	0,54	A*	17
MAB35	0,54	A	0,57	A	22
MAB4	0,51	A*	0,51	A*	10
MAB46	0,52	A*	0,55	A	19
MAB146	0,54	A	0,55	A	19
MAB99	0,53	A	0,57	A	23

Tabla 110; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 111

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,49	B	0,49	B	
MAB1	0,53	B	0,62	A	27
MAB35	0,57	A*	0,59	A*	22
MAB46	0,55	B	0,63	A	30

Tabla; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 112-118 representan el análisis de la TCR del diámetro de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 112

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B			
MAB2	0,41	B	0,80	A	184
MAB43	0,46	B	0,83	A	195
MAB44	0,40	B	0,73	A	160

Tabla 112; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 113

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm] NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,19	B	0,19	B	
MAB1	0,22	B	0,24	B	25
MAB10	0,25	A	0,29	A	49
MAB14	0,23	A	0,25	A	31
MAB19	0,24	A	0,26	A	37
MAB2	0,24	A	0,26	A	34
MAB20	0,25	A	0,29	A	52
MAB25	0,24	A	0,27	A	42
MAB36	0,25	A	0,28	A	45
MAB43	0,22	B	0,25	B	28
MAB50	0,25	A	0,28	A	46

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB6	0,24	A	0,27	A	41
MAB7	0,22	B	0,27	A	38
MAB9	0,23	A	0,26	A	34

Tabla 113; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 114

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,14	B	0,14	B	
MAB10	0,14	B	0,31	A	122
MAB20	0,13	B	0,21	A	49
MAB25	0,15	B	0,33	A	138
MAB9	0,15	B	0,20	A	45

Tabla 114; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 115

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,21	B	0,21	B	
MAB20	0,23	B	0,34	A	67
MAB9	0,22	B	0,44	A	114

Tabla 115; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 116

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB18	0,37	B	0,46	A	35
MAB3_GA	0,34	B	0,43	A	26
MAB35	0,43	A	0,55	A	62

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB46	0,39	B	0,49	A	42
MAB99	0,34	B	0,43	A	26

Tabla 116; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 117

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB1	0,22	A	0,26	A	66
MAB18	0,20	A*	0,23	A*	44
MAB46	0,25	A	0,45	A	185
MAB146	0,20	A*	0,22	A*	42

Tabla 117; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 118

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) NaCl 80 mM, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,08	B	0,08	B	
MAB35	0,10	B	0,13	A	57
MAB46	0,10	B	0,14	A	64
MAB146	0,10	B	0,14	A	66
MAB99	0,10	B	0,13	A	56

Tabla 118; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 119-121 representan el análisis de la TCR del área promedio foliar [cm²] en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 119

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,35	B	0,35	B	
MAB14	0,34	B	0,63	A	82

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB25	0,44	B	0,83	A	137
MAB36	0,43	B	0,77	A	120
MAB6	0,24	B	0,70	A	102

Tabla 119; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 120

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB10	0,32	B	0,56	A	74

Tabla 120; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 121

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB13	0,41	B	0,57	A	49
MAB15	0,46	A*	0,54	A	40
MAB17	0,46	A*	0,50	A*	30

Tabla 121; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

La Tabla 122 representa análisis de la TCR del área promedio foliar [cm²] en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 122

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] NaCl 80 mM, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,28	B	0,28	B	
MAB2	0,41	B	0,80	A	184
MAB43	0,46	B	0,83	A	195
MAB44	0,40	B	0,73	A	160

Tabla 122; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

La Tabla 123 representa análisis del peso seco (PS) por parcela en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 123

ID de gen	Peso seco [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,00	B	4,00	B	
MAB1	4,92	A	6,40	A	60
MAB134	4,35	B	5,35	A	34
MAB15	4,42	B	5,57	A	39
MAB18	4,52	B	5,35	A	34
MAB3_GA	4,53	B	5,47	A	37

Tabla 123; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 124-126 representan el análisis del peso de 1000 semillas en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 124

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB14	0,02	B	0,03	A	32
MAB19	0,02	B	0,03	A	27
MAB2	0,02	B	0,03	A	24
MAB6	0,03	A	0,03	A	53

Tabla 124; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 125

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB20	0,02	A*	0,02	A	17
MAB25	0,02	B	0,02	A	20
MAB6	0,02	A*	0,02	A	21
MAB7	0,02	B	0,02	A	21
MAB9	0,02	B	0,02	A	19

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
Tabla 125; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 126

	Peso de 1000 semillas [g] NaCl 80 mM				
	LSM	% de mejora del mejor evento	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB100	0,02	B	0,02	A	28
MAB134	0,02	B	0,02	A	26
MAB17	0,02	B	0,02	A	23
MAB18	0,02	B	0,02	A	17
MAB32	0,02	B	0,02	A	13
MAB4	0,02	B	0,02	A	19
MAB46	0,02	B	0,02	A	18
MAB99	0,02	B	0,02	A	15
Tabla 126; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Las Tablas 127-129 representan el análisis del rendimiento de semillas por planta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 127

ID de gen	Rendimiento de semillas por planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,07	B	0,07	B	
MAB44	0,11	B	0,22	A	210
MAB50	0,11	B	0,19	A	170
Tabla 127; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.					

Tabla 128

ID de gen	Rendimiento de semillas por Planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,09	B	0,09	B	
MAB6	0,11	A*	0,21	A	142
MAB9	0,09	B	0,14	A	59

Tabla 128; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 129

ID de gen	Rendimiento de semillas por Planta [g] NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,14	B	0,14	B	
MAB1	0,19	A	0,33	A	139
MAB100	0,17	B	0,24	A	79

Tabla 129; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

La Tabla 130 representa análisis del índice de cosecha en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 130

ID de gen	Índice de cosecha NaCl 80 mM				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB25	0,16	B	0,26	A	139
MAB44	0,20	A*	0,30	A	174
MAB7	0,12	B	0,29	A	172

Tabla 130; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 131-140 representan el análisis del área de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 131

ID de gen	Área de roseta [cm²]				
	Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,37	B	1,37	B	
MAB1	1,43	B	1,80	A	31
MAB9	1,32	B	1,74	A	27

Tabla 131; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 132

ID de gen	Área de roseta [cm²]				
	Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,73	B	4,73	B	
MAB1	4,95	B	6,45	A	36

Tabla 132; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 133

ID de gen	Área de roseta [cm²]				
	Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	8,45	B	8,45	B	
MAB1	8,87	B	11,11	A	31

Tabla 133; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 134

ID de gen	Área de roseta [cm²]				
	Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,65	B	1,65	B	
MAB1	2,09	A	2,27	A	37
MAB36	1,65	B	2,58	A	56
MAB7	1,83	B	2,81	A	70

Tabla 134; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 135

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,93	B	2,93	B	
MAB1	3,60	A*	3,78	A*	29
MAB36	2,91	B	4,55	A	55
MAB7	3,14	B	4,69	A	60

Tabla 135; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 136

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	7,73	B	7,73	B	
MAB1	9,77	A	10,58	A	37
MAB36	8,05	B	12,12	A	57
MAB7	8,69	B	12,82	A	66

Tabla 136; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 137

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,55	B	0,55	B	
MAB1	0,58	B	0,81	A	47
MAB100	0,60	B	0,74	A	34
MAB15	0,65	A*	0,90	A	64
MAB17	0,55	B	0,85	A	55

Tabla 137; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 138

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,03	B	1,03	B	
MAB1	1,17	B	1,54	A	49
MAB100	1,18	B	1,46	A	42
MAB15	1,23	A	1,67	A	62
MAB17	1,01	B	1,59	A	54

Tabla 138; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 139

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,09	B	2,09	B	
MAB1	2,46	B	3,43	A	64
MAB100	2,29	B	2,81	A	34
MAB15	2,60	A	3,63	A	73
MAB17	2,06	B	3,35	A	60

Tabla 139; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 140

ID de gen	Área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	4,81	B	4,81	B	
MAB1	5,57	A*	8,29	A	72
MAB15	5,72	A	8,05	A	67
MAB17	4,78	B	7,50	A	56

Tabla 140; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 141-148 representan el análisis del diámetro de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 141

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	3,52	B	3,52	B	
MAB1	3,58	B	4,17	A	18

Tabla 141; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 142

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,28	B	2,28	B	
MAB36	2,23	B	2,91	A	28
MAB7	2,47	B	3,11	A	36

Tabla 142; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 143

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,99	B	2,99	B	
MAB7	3,24	B	4,08	A	36

Tabla 143; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 144

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	5,00	B	5,00	B	
MAB1	5,65	A*	5,87	A*	17
MAB7	5,06	B	6,32	A	26

Tabla 144; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 145

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,30	B	1,30	B	
MAB15	1,48	A	1,69	A	30
MAB17	1,33	B	1,60	A	23

Tabla 145; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 146

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,87	B	1,87	B	
MAB1	1,86	B	2,21	A	18
MAB15	1,96	B	2,29	A	22
MAB17	1,78	B	2,26	A	21

Tabla 146; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 147

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	2,49	B			
MAB1	2,60	B	3,14	A	26
MAB15	2,64	B	3,17	A	27
MAB17	2,39	B	3,09	A	24

Tabla 147; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 148

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	3,49	B	3,49	B	
MAB1	3,88	A*	4,81	A	38
MAB15	3,78	B	4,52	A	29

ID de gen	Diámetro de roseta [cm] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB17	3,53	B	4,45	A	27

Tabla 148; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 149-157 representan el análisis del área promedio foliar en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 149

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB1	0,17	B	0,21	A	27

Tabla 149; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 150

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,51	B	0,51	B	
MAB1	0,52	B	0,69	A	35

Tabla 150; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 151

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,19	B	0,19	B	
MAB1	0,25	A	0,27	A	38
MAB36	0,20	B	0,31	A	58
MAB7	0,23	A*	0,33	A	67

Tabla 151; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 152

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB1	0,38	B	0,43	A	34
MAB36	0,32	B	0,46	A	43
MAB7	0,33	B	0,47	A	45

Tabla 152; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 153

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69		
MAB36	0,69	B	0,93	A	36
MAB7	0,79	B	1,17	A	71

Tabla 153; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 154

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11		0,11	B	
MAB1	0,12	B	0,15	A	28
MAB15	0,13	B	0,17	A	53
MAB17	0,11	B	0,15	A	34

Tabla 154; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 155

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB1	0,17	B	0,21	A	26
MAB100	0,18	B	0,21	A	30

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB15	0,18	A*	0,23	A	39
MAB17	0,16	B	0,22	A	35

Tabla 155; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 156

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,24	B	0,24	B	
MAB1	0,28	A*	0,37	A	50
MAB15	0,29	A*	0,37	A	53
MAB17	0,25	B	0,34	A	40

Tabla (GUI); LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 157

ID de gen	Área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,54	B	0,54	B	
MAB1	0,57	B	0,80	A	49
MAB15	0,59	B	0,78	A	45
MAB17	0,51	B	0,74	A	37

Tabla 157; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 158-166 representan el análisis de la TCR del área de roseta [cm²] de plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 158

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	1,73	B	1,73	B	
MAB20	2,18	B	3,62	A	109

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB43	2,04	B	3,80	A	119
MAB50	2,25	B	3,81	A	120

Tabla 158; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 159

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,48	B	0,48	B	
MAB2	0,58	A*	0,70	A	45
MAB43	0,62	A	0,75	A	56
MAB6	0,52	B	0,72	A	50

Tabla 159; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 160

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,84	B	0,84	B	
MAB50	0,87	B	0,99	A	18
MAB6	0,87	B	1,06	A	26

Tabla 160; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 161

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB10	0,44	B	0,54	A	37
MAB36	0,45	B	0,51	A	30
MAB50	0,45	A*	0,53	A	35
MAB6	0,44	B	0,60	A	51

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB7	0,43	B	0,50	A	27

Tabla 161; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 162

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,39	B	0,39	B	
MAB20	0,38	B	0,50	A	28
MAB25	0,39	B	0,53	A	38

Tabla 162; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 163

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,55	B	0,55	B	
MAB10	0,64	A*	0,71	A*	30
MAB2	0,63	A*	0,70	A	28
MAB20	0,63	A*	0,67	A*	21
MAB25	0,64	A	0,73	A	32
MAB44	0,65	A	0,77	A	41
MAB50	0,70	A	0,83	A	51
MAB6	0,63	A*	0,81	A	48
MAB7	0,61	B	0,73	A	34
MAB9	0,60	B	0,69	A	26

Tabla 163; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 164

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,45	B	0,45	B	
MAB13	0,63	A	0,68	A*	49
MAB32	0,50	B	0,74	A	64
MAB46	0,52	B	0,75	A	65
MAB146	0,64	A	0,88	A	94
MAB99	0,52	B	0,73	A	61

Tabla 164; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 165

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB1	0,36	B	0,45	A	31
MAB99	0,33	B	0,43	A	28

Tabla 165; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 166

ID de gen	TCR del área de roseta [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,66	B	0,66	B	
MAB13	0,73	B	0,81	A	23
MAB3_GA	0,70	B	0,85	A	29
MAB32	0,70	B	0,86	A	31
MAB99	0,68	B	0,82	A	25

Tabla 166; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

5

Tablas 167-175 representan el análisis de la TCR del diámetro de roseta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 167

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,43	B	0,43	B	
MAB50	0,70	A*	1,50	A	251
MAB6	0,45	B	1,21	A	183

Tabla 167; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 168

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB10	0,19	A*	0,21	A*	28
MAB19	0,20	A	0,23	A	45
MAB36	0,18	B	0,21	A	32
MAB50	0,17	B	0,23	A	42
MAB6	0,18	B	0,25	A	57
MAB7	0,18	B	0,24	A	52

Tabla 168; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 169

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,25	B	0,25	B	
MAB10	0,28	A	0,30	A	19
MAB14	0,27	B	0,31	A	23
MAB19	0,28	A	0,32	A	29
MAB2	0,27	B	0,30	A	21
MAB20	0,27	B	0,29	A	18
MAB36	0,27	A*	0,32	A	28
MAB43	0,25	B	0,26	B	5
MAB44	0,26	B	0,30	A	21
MAB50	0,27	B	0,30	A	21
MAB7	0,28	A*	0,29	A	17

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB9	0,27	A*	0,30	A	20

Tabla 169; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 170

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,17	B	0,17	B	
MAB19	0,19	A*	0,23	A	31
MAB2	0,20	A	0,23	A	32
MAB20	0,19	A	0,23	A	33
MAB43	0,19	B	0,21	A	24
MAB44	0,18	B	0,22	A	25
MAB50	0,20	A	0,23	A	32
MAB6	0,19	A*	0,24	A	42
MAB9	0,18	B	0,21	A	25

Tabla 170; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 171

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,16	B	0,16	B	
MAB50	0,19	B	0,22	A	42
MAB6	0,15	B	0,24	A	49

Tabla 171; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 172

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,22	B	0,22	B	
MAB2	0,26	A*	0,28	A	27

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB20	0,26	B	0,30	A	33
MAB25	0,26	A*	0,29	A*	31
MAB43	0,24	B	0,29	A	29
MAB44	0,25	B	0,29	A	31

Tabla 172; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 173

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 3 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,29	B	0,29	B	
MAB100	0,37	A*	0,51	a	74
MAB13	0,38	A	0,58	A	95
MAB15	0,36	A	0,45	A	54
MAB18	0,36	A*	0,38	A*	28
MAB3_GA	0,43	A	0,60	A	105
MAB35	0,39	A	0,44	A	50
MAB46	0,31	B	0,49	A	65
MAB146	0,35	A	0,44	A	50

Tabla 173; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 174

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,11	B	0,11	B	
MAB1	0,13	A*	0,16	A	49
MAB13	0,13	A*	0,16	A	41
MAB18	0,14	A	0,16	A	45
MAB32	0,13	B	0,15	A	39
MAB146	0,16	A	0,19	A	72
MAB99	0,12	B	0,15	A	40

Tabla 174; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 175

ID de gen	TCR del diámetro de roseta [cm]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,20	B	0,20	B	
MAB1	0,25	A	0,27	A	30
MAB17	0,24	A	0,26	A*	25
MAB18	0,25	A	0,31	A	51
MAB35	0,25	A	0,28	A	36
MAB146	0,25	A	0,28	A	36
MAB99	0,24	A	0,29	A	44

Tabla 175; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 176-178 representan el análisis de la TCR del área promedio foliar [cm²] en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 176

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,34	B	0,34	B	
MAB10	0,35	B	0,52	A	56
MAB36	0,40	B	0,52	A	55
MAB7	0,37	B	0,50	A	49

Tabla 176; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI). Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 177

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²]) Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB10	0,47	A	0,51	A*	35
MAB2	0,41	B	0,49	A	29
MAB25	0,43	B	0,55	A	44
MAB50	0,47	A	0,53	A	41
MAB7	0,45	A*	0,50	A*	31

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 10 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB9	0,43	B	0,54	A	41

Tabla 177; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI). Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 178

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,23	B	0,23	B	
MAB13	0,34	A*	0,39	A*	70
MAB146	0,35	A*	0,50	A	117
MAB99	0,26	B	0,44	A	89

Tabla 178; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI). Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 179-180 representan el análisis de la TCR del área promedio foliar [cm²] en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 179

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 5 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,31	B	0,31	B	
MAB19	0,35	B	0,48	A	56
MAB43	0,39	B	0,52	A	70
MAB6	0,28	B	0,50	A	62

Tabla 179; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 180

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,69	B	0,69	B	
MAB14	0,72	B	0,92	A	32

ID de gen	TCR de la media (área promedio foliar [cm ²] Condiciones normales, Día 8 desde la plantación				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB6	0,69	B	0,96	A	38

Tabla 180; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 181-182 representan el análisis del peso seco (PS) por parcela en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

5

Tabla 181

ID de gen	Peso seco [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	7,75	B	7,75	B	
MAB36	10,37	A*	13,21	A	71

Tabla 181; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 182

ID de gen	Peso seco [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	5,23	B	5,23	B	
MAB1	6,81	A	8,09	A	55
MAB13	6,08	B	7,61	A	45
MAB18	6,10	B	8,18	A	56
MAB99	6,51	A*	8,42	A	61

Tabla 182; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 183-185 representan el análisis del peso de 1000 semillas en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

10

Tabla 183

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
MAB19	0,02	B	0,03	A	23
MAB2	0,02	B	0,03	A	44
MAB20	0,02	A	0,04	A	71
MAB36	0,02	B	0,03	A	24
MAB50	0,02	B	0,03	A	32
MAB6	0,02	B	0,03	A	22
MAB9	0,02	A	0,02	A	19

Tabla 183; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 184

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB20	0,02	A*	0,02	A	17
MAB6	0,02	A*	0,02	A	21

Tabla 184; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 185

ID de gen	Peso de 1000 semillas [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,02	B	0,02	B	
MAB100	0,02	B	0,02	A	23
MAB17	0,02	A	0,03	A	33
MAB18	0,02	B	0,02	A	18
MAB35	0,02	B	0,02	A	28
MAB46	0,02	A	0,02	A	21
MAB99	0,02	A	0,03	A	37

Tabla 185; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Las Tablas 186-187 representan el análisis del rendimiento de semillas por planta en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 186

ID de gen	Rendimiento de semillas por planta [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,38	B	0,38	B	
MAB1	0,50	B	0,61	A	61
MAB10	0,46	B	0,59	A	53
MAB14	0,50	A*	0,60	A	57
MAB36	0,52	A	0,68	A	77
MAB50	0,46	B	0,60	A	56

Tabla 186; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

Tabla 187

ID de gen	Rendimiento de semillas por Planta [g] Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,32	B	0,32	B	
MAB1	0,41	A*	0,49	A	53
MAB13	0,43	A	0,55	A	69
MAB18	0,39	B	0,49	A	53
MAB32	0,41	B	0,50	A	56
MAB35	0,41	A*	0,50	A	57
MAB99	0,41	A*	0,51	A	57

Tabla 187; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporciona en la Tabla 3 anterior.

La Tabla 188 representa análisis de la Índice de cosecha en plantas que expresan en exceso los polinucleótidos de la invención bajo la regulación del promotor 6669. Cada tabla representa un experimento independiente, usando 4 eventos independientes por gen. Los genes no relacionados por la misma letra que la del control (A, B) son significativamente diferentes de los del control.

Tabla 188

ID de gen	Índice de cosecha Condiciones normales				
	LSM	Significancia	Mejor evento LSM	Significancia	% de mejora del mejor evento
GUI	0,48	B	0,48	B	
MAB17	0,46	B	0,62	A	28

Tabla 188; LSM = Media de mínimos cuadrados; % de mejora = en comparación con el control (GUI); A significa diferencia significativa a $P < 0,05$, A* significa diferencia significativa a $P < 0,1$. Las SEQ ID NO de los genes clonados (según el ID de gen) que se expresan exógenamente en las plantas se proporcionan en la Tabla 3 anterior.

*Ejemplo 8**Transformación de plantas de tomate mb2 con supuestos genes de teab*

Para la transformación del tomate, semillas M82 de tomate se esterilizaron previamente con hipocloruro de sodio al 3% + 2-3 gotas de Tween 20 (Polisorbato 20). Las semillas se lavaron 3 veces con agua destilada estéril. Entonces, las semillas germinaron en medio de Nitsch al 100% y germinaron durante 8 días en una sala de cultivo a 25 °C en la oscuridad. Entonces, las plántulas se cortaron con un tallo de 2-4 cm y se insertaron en placas de Petri de 10 cm que se cargaron con 30-40 mL de medio líquido MS. Entonces, los cotiledones se cortaron y se usaron como explantes y posteriormente se transfirieron a medio solidificado KCMS con acetosiringona 100 µM en una placa de Petri de 10 cm. Los explantes se inocularon con *A. tumefaciens* durante 30-50 minutos. Los explantes se co-cultivaron durante 24 horas y se transfirieron a medio de regeneración que incluía kanamicina como medio de selección. Las plántulas resistentes regeneradas se transfirieron entonces a un medio de enraizamiento durante 10- 14 días hasta la aparición de las raíces.

*Ejemplo 9**Crecimiento de plantas de tomate mb2 transformadas y caracterizaciones fenotípicas**Procedimientos experimentales*

Producción de plantas de tomate transgénicas - Las plantas se transformaron como se ha descrito en el Ejemplo 8, anterior. Tras la transformación, las plantas de tomate T1 M82 se cultivaron hasta el establecimiento del fruto. Las semillas T2 se han introducido en experimentos para evaluar la resistencia al estrés abiótico.

Resultados experimentales

Ensayo 1 - Ensayo de campo en tomate con regímenes de déficit hídrico y regular - Se planeó un ensayo de campo en tomate como un sistema de riego por goteo de una fuente (RGUF) similar al de un campo agrícola convencional. Puesto que la deficiencia de agua se aplica de una manera relativamente uniforme, permite medir el efecto de la sequía en poblaciones de plantas de pequeño tamaño. El método RGUF se desarrolló basándose en a un sistema de riego por aspersión de fuente en línea (Hanks et al. 1976 Soil Sci. Soc Am. J. 40 p. 426-429) con algunas modificaciones significativas. En lugar de riego por aspersión, se usó riego por goteo. Con el fin de crear una capa húmeda uniforme y profunda (al menos 60 cm de profundidad), y no la capa en forma de cebolla que se crea normalmente mediante riego por goteo, se usó un sistema de riego por goteo con compensación de baja presión. Este sistema permite suministrar pequeñas cantidades de agua en un intervalo de tiempo relativamente largo. El ensayo de campo de estrés por sequía se realizó en un suelo iluminado, en un campo abierto (casa de malla) cerca de Rehovot, Israel. Se evaluaron entre 4 y 5 eventos por cada gen y se usaron poblaciones de segregación nula como controles negativos. Durante las tres primeras semanas, todas las plantas se cultivaron en un vivero en condiciones de riego normales. Después de este periodo, las plantas se trasplantaron según un protocolo de cultivo comercial, que mantenía una distancia de 30 cm entre las plantas alcanzando una densidad total de 2.600 plantas por 1000 m² (la densidad recomendada en el crecimiento comercial). Cada planta se trasplantó cerca de un gotero de riego de agua y se sometió adicionalmente a dos tratamientos diferentes:

Óptimo (100%): condiciones de riego óptimas (100%). El riego se aplicó cada 2 días como un suministro de agua estándar recomendado. El suministro de agua estándar recomendado es la cantidad aplicada por los agricultores comerciales locales según protocolos estándar.

Estrés grave (50%): Una vez al día se aplicó el 50% de la cantidad de riego de agua óptima (al mismo tiempo que se aplicaba el riego regular).

Todos los fertilizantes se aplicaron según los protocolos estándar locales. El nitrógeno se aplicó del mismo modo, según se recomienda, a todos los tratamientos a través del sistema de riego. Cada hilera, de 193 cm de anchura, contenía dos líneas de riego por goteo creando una cobertura de seis goteros por 1 m². El control del riego se realizó individualmente para cada tratamiento. El experimento se estructuró en un diseño de cuatro bloques distribuidos al azar, ocho plantas por parcela. Los diferentes regímenes hídricos comenzaron al cabo de tan solo cuatro semanas del trasplante de los árboles, cuando las plantas comenzaban la fase de floración. La disponibilidad hídrica en el suelo se registró usando tensiómetros (usados para determinar el potencial hídrico matricial Ψ_m que permite evaluar la gravedad del estrés).

Ensayo 2 - Experimento de baño salino en el tomate - Se siembran semillas de tomate transgénicas en bandejas que contienen medio de cultivo desnitrificado. Las plantas de semillero germinan en condiciones de vivero. El modelo experimental usado fue 3 bloques distribuidos al azar, donde en cada bloque se siembra 10 plantas por evento. En la fase de primera hoja verdadera, las bandejas se transfieren a diferentes "tanques" que contienen disolución de cultivo de NaCl 300 mM. Para el tratamiento normal, se aplica una disolución completa de Hoagland. Se evalúan 5 eventos para cada gen, mientras que como controles negativos se usan poblaciones segregantes anuladas. El experimento se realiza durante un periodo de 8 semanas, donde se miden parámetros tales como el contenido de clorofila (medido como unidades de SPAD) y la biomasa vegetal (PF y PS).

Referencias citadas

(Se han citado anteriormente en este documento referencias adicionales)

1. World Wide Web (.) fao (.) org/ag/agl/agll/spush/degrad (.) htm.
2. World Wide Web (.) fao (.) org/ag/agl/aglw/watermanagement/introduc (.) stm.
- 5 3. McCue KF, Hanson AD (1990). Drought and salt tolerance: towards understanding and application. TrendsBiotechnol8:358-362.
4. Flowers TJ, Yeo Ar (1995). Breeding for salinity resistance in crop plants: where next? Aust J Plant Physiol 22:875-884.
- 10 5. Nguyen BD, Brar DS, Bui BC, Nguyen TV, Pham LN, Nguyen HT (2003). Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source, ORYZA RUFIOGON Griff., into indica rice (Oryza sativa L.). Theor Appl Genet. 106:583-93.
6. Sanchez AC, Subudhi PK, Rosenow DT, Nguyen HT (2002). Mapping QTLs associated with drought resistance in sorghum (Sorghum bicolor L. Moench). Plant Mol Biol.48:713-26.
- 15 7. Quesada V, Garcia-Martinez S, Piqueras P, Ponce MR, Micol JL (2002). Genetic architecture of NaCl tolerance in Arabidopsis. Plant Physiol.130:951-963.
8. Apse MP, Blumwald E (2002). Engineering salt tolerance in plants. CurrOpinBiotechnol.13:146-150.
9. Rontein D, Basset G, Hanson AD (2002). Metabolic engineering of osmoprotectant accumulation in plants. MetabEng4:49-56
- 20 10. Clough SJ, Bent AF (1998). Floral dip: a simplified method for Agrobacterium-mediated transformation of Arabidopsis thaliana. PlantJ16:735-43.
11. Desfeux C, Clough SJ, Bent AF (2000). Female reproductive tissues are the primary target of Agrobacterium-mediated transformation by the Arabidopsis floral-dip method. Plant Physiol123:895-904.

Contenido en CD-ROM

- 25 Lo siguiente enumera el contenido de archivos del CD-ROM se que adjunto junta con la presente y se presenta con la solicitud. La información del archivo se proporciona como: Nombre de archivo/tamaño en bytes/fecha de creación/sistema operativo/formato de la máquina.

CD-ROM1 (1 archivo de LISTADO DE SECUENCIAS):

1. "43562 Sequence Listing.txt"/ 3.856.000 bytes/ 24 de julio de 2008/ Microsoft Windows XP Professional/ PC.

REIVINDICACIONES

1. Un método de aumento de biomasa, tasa de crecimiento, rendimiento de semillas y/o tolerancia al estrés por salinidad de una planta en comparación con una planta no transformada de la misma especie que se cultiva en las mismas condiciones de cultivo, comprendiendo el método expresar en exceso dentro de la planta un polinucleótido exógeno que codifica un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos al menos 80% homóloga a la secuencia de aminoácidos expuesta por SEQ ID NO: 219,
5 aumentando así la biomasa, tasa de crecimiento, rendimiento de semillas y/o tolerancia al estrés por salinidad de la planta en comparación con la planta no transformada de la misma especie que se cultiva en las mismas condiciones de crecimiento.
- 10 2. El método de la reivindicación 1, que comprende además seleccionar la progenie de la micropropagación de dicha planta que expresa dicho polinucleótido exógeno para tolerancia al estrés por salinidad, crecimiento, biomasa y/o rendimiento de semillas superiores en comparación con la planta no transformada de la misma especie que se cultiva en las mismas condiciones de crecimiento.
- 15 3. El método de la reivindicación 1 o 2, en donde dicha secuencia de aminoácidos es al menos 87% homóloga al aminoácido expuesto por SEQ ID NO: 219.
4. El método de la reivindicación 1 o 2, en donde dicha secuencia de aminoácidos es al menos 92% homóloga al aminoácido expuesto por SEQ ID NO: 219.
5. El método de la reivindicación 1 o 2, en donde dicha secuencia de aminoácidos es al menos 96% homóloga al aminoácido expuesto por SEQ ID NO: 219.
- 20 6. El método de la reivindicación 1, en donde dicho polipéptido comprende la secuencia de aminoácidos expuesta por SEQ ID NO: 219.
7. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde dicha secuencia de ácidos nucleicos se selecciona del grupo que consiste en SEQ ID NO: 1538, 23, 24 y 1539.
- 25 8. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 1-7, que comprende además cultivar la planta que expresa dicho polinucleótido exógeno bajo estrés por salinidad.

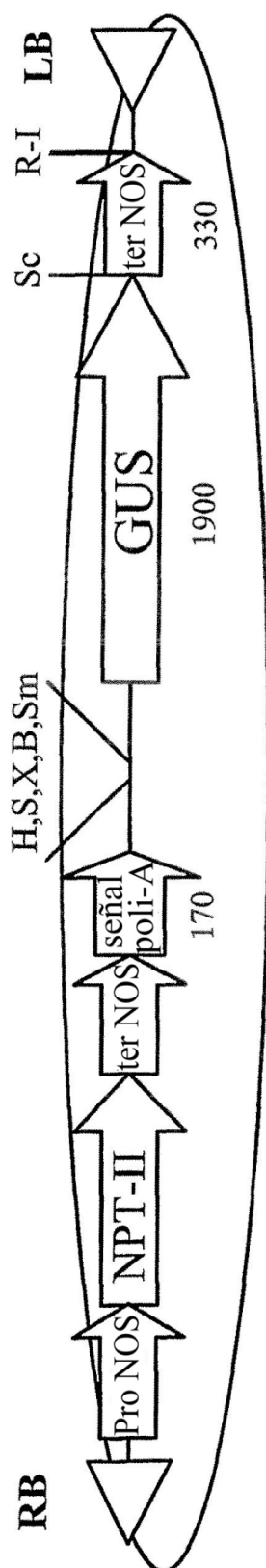


FIG. 1

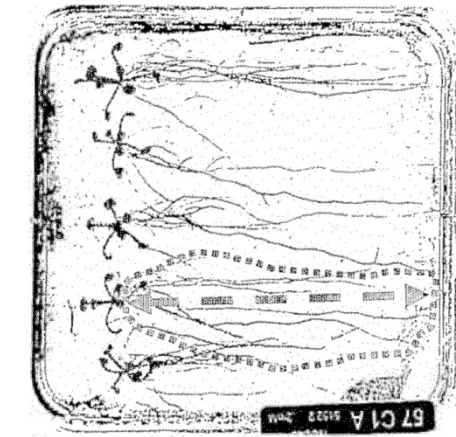


Fig. 2b

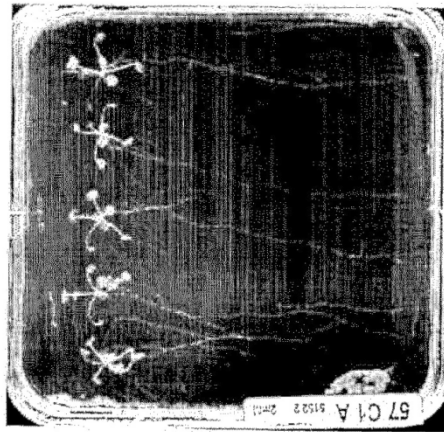


Fig. 2a