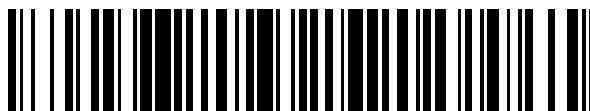


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 698 002**

51 Int. Cl.:

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **20.02.2012** **PCT/EP2012/052843**

87 Fecha y número de publicación internacional: **07.02.2013** **WO13017293**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **20.02.2012** **E 12704427 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **24.10.2018** **EP 2681233**

54 Título: **Genes que proporcionan resistencia al mildiú pulverulento en Cucumis Sativus**

30 Prioridad:

01.03.2011 WO PCT/EP2011/053054

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

30.01.2019

73 Titular/es:

ENZA ZADEN BEHEER B.V. (50.0%)
Haling 1E
1602 DB Enkhuizen, NL y
KEYGENE N.V. (50.0%)

72 Inventor/es:

DIERGAARDE, PAUL JOHAN;
VAN ENCKEVORT, LEONORA JOHANNA
GERTRUDA;
POSTHUMA, KARIN INGEBORG y
PRINS, MARINUS WILLEM

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 698 002 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

Genes que proporcionan resistencia al mildiú pulverulento en *Cucumis Sativus*

Campo de la invención

5 La presente invención se refiere a plantas que confieren resistencia al mildiú pulverulento que proporcionan genes y semillas, embriones u otros de sus materiales de propagación.

El mildiú pulverulento (PM) es una de las principales enfermedades fúngicas conocidas en plantas que pertenecen a la familia *Cucumis*, como *Cucumis sativus* (pepino), tanto en el campo como en el invernadero.

10 Las enfermedades del mildiú pulverulento generalmente son causadas por muchas especies diferentes de hongos del orden Erysiphales. La enfermedad se caracteriza por síntomas distintivos, como manchas blancas en forma de polvo en las hojas y los tallos. En general, las hojas inferiores son las más afectadas, pero el moho puede aparecer en cualquier parte de la planta que esté expuesta sobre el suelo. A medida que avanza la enfermedad, las manchas se hacen más grandes y más gruesas a medida que se forman grandes cantidades de esporas, y el moho se extiende hacia arriba y hacia abajo a lo largo de la planta, como el tallo e incluso los frutos.

15 Las hojas gravemente afectadas pueden volverse secas y quebradizas, o pueden marchitarse y morir. Debido a la infección, los frutos pueden ser más pequeñas en tamaño, menores en número, menos capaces de ser almacenadas con éxito, escaldadas por el sol, maduras de forma incompleta y de mal sabor. También puede predisponer a las plantas a ser más vulnerables a otros patógenos. Eventualmente, la planta puede morir.

20 El mildiú pulverulento, entre otros, puede ser causado por el hongo *Sphaerotheca fuliginea* (recientemente renombrado: *Podosphaera xanthii* también denominado *Oidium erysiphoides*) y/o *Erysiphe cichoracearum* DC (recientemente renombrado: *Golovinomyces cichoracearum*, también denominado *Oidium chrysanthemi*).

Panstruga, 2005, *Plant Mol. Biol.* 59: 485-500, describe nuevos dominios peptídicos conservados por comparación de otólogos dentro de familias de múltiples proteínas vegetales utilizando alineamientos de secuencias de proteínas de MLO de *Arabidopsis thaliana*.

25 Panstruga, 2005, *Biochem. Soc. Trans.* 33: 389-393, describe proteínas MLO de plantas serpentinales como portales de entrada para hongos de mildiú pulverulento.

Teniendo en cuenta la importancia económica de las especies de plantas de *Cucumis*, como el pepino, existe una necesidad continua en la técnica de proporcionar genes que proporcionen resistencia al mildiú pulverulento.

En vista de la necesidad anterior en la técnica, un objeto de la presente invención, entre otros objetos, es satisfacer esta necesidad.

30 Según la presente invención, este objeto, entre otros objetos, se cumple mediante un gen que confiere resistencia al mildiú pulverulento que comprende la planta *Cucumis sativus*, como se define en la reivindicación 1 adjunta.

35 Específicamente, este objeto de la presente invención, entre otros objetos, se cumple mediante un gen que confiere resistencia al mildiú pulverulento que comprende la planta *Cucumis sativus*, en donde la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia es SEQ ID No. 2, y en el que dicho gen que confiere resistencia está deteriorado.

El gen que confiere resistencia alterada pretende indicar un gen que proporciona una susceptibilidad reducida, o incluso ausente, al mildiú pulverulento causado por hongos indicados por manchas en forma de polvo en las hojas y tallos, tales como hongos que pertenecen al orden Erysiphales como *Sphaerotheca fuliginea* (recientemente renombrada: *Podosphaera xanthii* también designada como *Oidium erysiphoides*) y/o *Erysiphe cichoracearum* DC.

40 Los genes que confieren resistencia alterada son genes mutados. La mutación de los genes puede, a través de diferentes mecanismos, dar lugar a un mal funcionamiento. Por ejemplo, las mutaciones en secuencias de ADN que codifican proteínas pueden conducir a proteínas mutadas, truncadas o no funcionales. Las mutaciones en las secuencias de ADN no codificantes pueden causar un empalme alterante, traducción o tráfico de proteínas. Alternativamente, una mutación que resulta en una actividad transcripcional alterada de un gen, que determina la cantidad de ARNm disponible para la traducción a proteínas, puede dar como resultado niveles bajos o ausencia de proteínas. Además, el deterioro de la función del gen puede ser causado después de la traducción, es decir, a nivel de proteína.

50 El deterioro, de acuerdo con la presente invención, también se indica mediante la observación de una resistencia al mildiú pulverulento en una planta de *Cucumis sativus* que comprende un gen que está mutado al nivel de la proteína en comparación con las SEQ ID NO. 2 proporcionadas en el presente documento o no se observa en este caso la expresión de SEQ ID NO. 2.

El deterioro también se indica en este documento como una proteína no funcional. Aunque la función de los genes

presentes aún no está identificada, una proteína no funcional se puede determinar fácilmente estableciendo la resistencia al mildiú pulverulento (no funcional) o la susceptibilidad al mildiú pulverulento (funcional) en una planta. Una planta de resistencia al mildiú pulverulento (no funcional) se indica al comprender un gen que está mutado al nivel de la proteína en comparación con la SEQ ID NO. 2 proporcionada en este documento o no se observa ninguna expresión de la SEQ ID NO. 2 proporcionada en este documento.

Las proteínas funcionales y no funcionales también pueden determinarse mediante experimentos de complementación. Por ejemplo, la transformación de una planta de *Cucumis sativus* de mildiú pulverulento resistente con los genes o proteínas presentes dará como resultado una planta de *Cucumis sativus* susceptible de mildiú pulverulento cuando el gen o la proteína es funcional, mientras que la planta de *Cucumis sativus* seguirá siendo resistente cuando el gen o la proteína es no funcional.

De acuerdo con la presente invención, en los presentes genes que confieren resistencia al mildiú pulverulento que comprenden resistencia al mildiú pulverulento de la planta de *Cucumis sativus*, cuando los genes presentes están deteriorados. La alteración puede indicarse por la ausencia o disminución de una proteína funcional o no silenciada identificada en este documento como SEQ ID N° 2. En la técnica, se conocen muchos mecanismos que dan como resultado el deterioro de un gen en el nivel de transcripción, traducción o proteína.

Por ejemplo, el deterioro en el nivel de transcripción puede ser el resultado de una o más mutaciones en las secuencias de regulación de la transcripción, tales como promotores, potenciadores y secuencias de iniciación, terminación o empalme de intrones. Estas secuencias generalmente se ubican en 5' de, 3' de, o dentro de la secuencia de codificación representada por la SEQ ID N° 1. El deterioro también puede ser provisto por una eliminación, reordenamiento o inserción en los genes presentes.

El deterioro a nivel de la traducción puede ser provocado por un codón de parada prematuro u otros mecanismos de control de ARN -> proteínas (como el empalme) o modificaciones postraduccionales que influyen, por ejemplo, en el plegamiento de proteínas o el tráfico celular.

El deterioro a nivel de la proteína puede ser provocado por interacciones proteína-proteína truncadas, mal plegadas o alteradas.

Independientemente del mecanismo subyacente, el deterioro de acuerdo con la presente invención se indica mediante una disminución o ausencia de una proteína funcional de acuerdo con la SEQ ID N° 2.

De acuerdo con la presente invención, el deterioro se proporciona mediante una o más mutaciones en los presentes genes dando como resultado la ausencia de un producto de expresión proteico. Como se indica, estas mutaciones pueden causar una expresión defectuosa en el nivel de transcripción o traducción.

De acuerdo con la presente invención, el deterioro también está causado por una o más mutaciones en los presentes genes que dan como resultado un producto de expresión de proteínas no funcional. Un producto de expresión de proteínas no funcional puede, por ejemplo, ser causado por codones de parada prematuros, traducción incorrecta o procesamiento posterior a la traducción o por inserciones, deleciones o cambios de aminoácidos.

Usando métodos de biología molecular, se describe un deterioro logrado mediante el silenciamiento de genes, por ejemplo, utilizando ARNs i o desactivación de los genes presentes. Los métodos basados en EMS u otros compuestos químicos mutagénicos capaces de cambiar aleatoriamente ácidos nucleicos en otros nucleótidos también se contemplan. La detección de tales mutaciones generalmente involucra análisis de curvas de fusión de alta sensibilidad o procedimientos TILLING basados en la secuenciación de nucleótidos.

Se describen secuencias de nucleótidos y aminoácidos con más del 70%, preferiblemente más del 80%, más preferiblemente más del 90% y más preferiblemente más del 95% de identidad de secuencia a nivel de nucleótidos o al nivel de aminoácidos.

La identidad de secuencia, como se usa en este documento, se define como el número de nucleótidos alineados consecutivos idénticos, o aminoácidos, en toda la longitud de las presentes secuencias divididas por el número de nucleótidos, o aminoácidos, de la longitud completa de las presentes secuencias y multiplicadas por 100%.

Por ejemplo, una secuencia con 80% de identidad con la SEQ ID N° 1 comprende una longitud total de 1782 nucleótidos de la SEQ ID N° 15 1426 nucleótidos consecutivos alineados idénticos, es decir, $1426/1782 * 100\% = 80\%$.

La presente invención se refiere a plantas de *Cucumis sativus* que comprenden en su genoma los genes que confieren resistencia al mildiú pulverulento deteriorados, es decir, plantas que no expresan una proteína funcional de SEQ ID N° 2.

En general, y preferiblemente, las plantas presentes serán homocigotas para los genes deteriorados presentes, es decir, que comprenden dos genes que confieren resistencia al mildiú pulverulento deteriorados, en donde la secuencia de ADNc transcrita de dicho gen que confiere resistencia es SEQ ID N° 1.

Teniendo en cuenta los beneficios de las plantas actuales, es decir, que proporcionan resistencia al mildiú pulverulento en plantas de pepino, la invención también se refiere a semillas, partes de plantas o material de propagación capaz de proporcionar las presentes plantas de pepino resistentes al mildiú pulverulento, cuyas semillas, partes de plantas o material de propagación comprenden un gen deteriorado que confiere resistencia al mildiú pulverulento, en donde la secuencia de ADNc transcrita de dicho gen que confiere resistencia es SEQ ID N° 1.

Se describe el uso de los presentes genes que confieren resistencia al mildiú pulverulento o las presentes secuencias de aminoácidos aisladas para proporcionar plantas de pepino resistentes al mildiú pulverulento (*Cucumis sativus*). Como se indicó, el presente uso se basa en el deterioro, ya sea a nivel de la expresión o de la proteína, de los genes descritos en el presente documento y se puede determinar fácilmente mediante las secuencias de aminoácidos y ADNc que se proporcionan actualmente, en combinación con la determinación de la presencia o ausencia de la resistencia al mildiú pulverulento y/o en combinación con ensayos de complementación.

La presente invención se describirá adicionalmente en los ejemplos a continuación. En el ejemplo, se hace referencia a figuras en las que:

Figura 1: muestra los niveles de expresión relativos de CsKIP2 en una selección de germoplasma de pepino. Se agregan los valores promedio de expresión por grupo en ausencia (-) o presencia (+) de un transposón, incluidas las barras de error de la desviación estándar. Los colores de las barras indican el gen de referencia utilizado para realizar los cálculos.

Figura 2: muestra fragmentos de ADN de CsKIP2 amplificados con los cebadores ID3 e ID4 y visualizados por electroforesis en gel (agarosa al 2%, 10v/cm, 40 minutos)

Figura 3: muestra la alineación de la secuencia de ADNc de las líneas con ausencia (cadena superior) y presencia (cadena inferior) de un elemento tipo transposón en el ADN genómico de CsKIPZ. En este caso, una eliminación de 72 pb es visible en el cDNA derivado de líneas con el elemento transposónico presente. Las posiciones de unión del cebador se muestran en negrita y en cursiva.

Figura 4: muestra una alineación de aminoácidos de los alelos CsKIP9 de moho pulverulento susceptibles y alelos CsKIP9 resistentes al moho pulverulento.

Ejemplos

Ejemplo 1: Criba de germoplasma de pepino para la contribución de los niveles de expresión de CsKIPZ y variantes alélicas a la resistencia/susceptibilidad

Introducción

El deterioro del funcionamiento de los genes puede estar causado por diferentes mecanismos. Las mutaciones en las secuencias de ADN que codifican proteínas pueden ser causantes de la pérdida de función de alelos o genes con un cambio en las características. Alternativamente, la actividad transcripcional alterada de un gen, que determina la cantidad de ARNm disponible para la traducción a proteínas, puede dar como resultado bajos niveles de proteínas disponibles. Además, el deterioro de la función del gen puede estar causado después de la traducción, es decir, a nivel de proteína.

Los presentes ejemplos muestran que una mutación (supresión) en la secuencia de codificación de CsKIP2 proporciona resistencia al moho pulverulento.

Material y métodos

Se seleccionaron un total de doce líneas de germoplasma de pepino que varían en los niveles de resistencia al mildiú pulverulento para el análisis. Las semillas fueron germinadas bajo condiciones estándar de invernadero. Los hipocótilos se infectaron con un aislado local de mildiú pulverulento 7 días después de la siembra, seguido de una infección de la primera hoja verdadera 14 días después de la siembra. La evaluación de los fenotipos de reacción se realizó 28 días después de la siembra (21 y 14 días después de la infección por hipocótilos) y los fenotipos se puntuaron en una escala de 1-9, donde 1 es completamente susceptible y 9 es completamente resistente.

El material de las plantas infectadas se recolectó para el posterior aislamiento del ARN de acuerdo con los procedimientos estándar (Plant de ARN de Machery - Nagel). El aislamiento del ARN fue seguido por la síntesis de ADNc utilizando un cebador estándar Oligo-dT combinado con una transcriptasa inversa (Finnzymas) con 1 µg de entrada de ARN total.

Los niveles de expresión de CsKIP2 se determinaron con un par de cebadores de PCR específicos de CSKIP2 (tabla 1, 1D1 1D2) amplificando un fragmento de ADN del exón 5 al exón 7 con un tamaño específico para el ADNc, muy diferente del tamaño del producto derivado del ADN genómico. Además, los fragmentos de control que funcionan como referencia interna se amplificaron a partir de tres genes de mantenimiento diferentes, es decir, Factor de alargamiento 1-alfa (EF-1, ortólogo de *A. thaliana* At1g07920.1), Proteína Fosfatasa 2a subunidad α2 (PDF2, ortólogo de *A. thaliana* At3g25800.1) y dominio de Helicasa que contiene proteína 1 (HELI, ortólogo de *A.*

thaliana Atlg58050.1).

Para la detección específica en tiempo real de dsADN durante la amplificación por PCR, se añadió LCGreen (Idaho Technologies) a la mezcla de reacción de PCR a una concentración de 0,5 x. Los cálculos se realizaron utilizando el método $\Delta\Delta C_t$.

- 5 Para la detección de variantes alélicas con CsKIP2, se seleccionó una región específica en el cADN. Se sospecha que esta región alberga un elemento tipo transposón (exón 11 transposón). Se usaron cebadores (tabla 1, ID3 ID4) diseñados para amplificar específicamente el exón 9 (parcial), 10 y 11 (parcial) de CsKIP2 para la detección de este fragmento.

Tabla 1. Cebadores PCR específicos de CsKIP2

ID1:	5' CGACACTTGAGCTTCTGGAG 3'
ID2:	5' GCAAGATGTGCAACAATGAATC 3'
ID3:	5' CCCGCAATGTGGCTATTTGCTGT 3'
ID4:	5' CCCGAGGCTGAACGACCGGA 3'

10

Resultados

Se realizó una selección de 12 líneas de germoplasma de la prueba de enfermedad de mildiú pulverulento para los estudios de expresión posteriores y la detección de la variación alélica de CsKIP2. La presencia o ausencia de un transposón como elemento sospechoso de ser el factor causante de la resistencia al mildiú pulverulento en el ADN genómico se realizó antes de comenzar los estudios de expresión para investigar su efecto sobre la expresión.

15

La expresión de CsKIP2 en materiales de hoja derivados de las plantas seleccionadas se determinó en función de los genes de control. Los resultados no muestran ningún efecto general de expresión basado en los datos obtenidos. En promedio, los niveles de expresión observados son similares (Figura 1).

Después de determinar los niveles de expresión, se investigó la variación alélica en el elemento tipo transposón. El fragmento amplificado con los cebadores ID3 e ID4 produjo un fragmento variable de tamaño 199 pb o 127 pb (Figura 2). El fragmento más pequeño se encontró estrictamente en plantas resistentes y se correlaciona con la presencia del transposón en el ADN genómico.

20

Se encontró que la secuencia de los fragmentos era muy similar, excepto por una eliminación de 72 pb en el exón 11, centrada alrededor de la posición original del transposón en el ADN genómico (figura 3).

Conclusiones

El análisis de expresión de CsKIP2 en materiales de hoja de plantas de pepino infectadas se llevó a cabo con el fin de evaluar la participación de la expresión génica en la resistencia. En promedio, los niveles de expresión fueron similares en plantas resistentes y susceptibles.

25

La presencia de un elemento tipo transposón encontrado en el exón 11 del gen CsKIP2 en el ADN genómico también se encontró que no se correlacionaba con los niveles de expresión de CsKIP2.

30

Se encontró que la presencia del elemento tipo transposón en el ADN genómico estaba relacionada con la resistencia de las plantas al mildiú pulverulento. Las plantas resistentes con el elemento tipo transposón en el ADN genómico mostraron una eliminación de 72 pb en el exón 11 en el ADNc, en comparación con las plantas susceptibles.

Aparentemente, el mecanismo responsable del correcto empalme del ARN (es decir, la separación de los exones de los intrones), empalma el elemento tipo transposón del ARN, junto con una parte (es decir, 72 pb) de la secuencia de codificación. Después de la traducción de ARNm a proteína, el ARNm de delección de 72 pb se resuelve en una proteína con una delección de 24 aminoácidos. Se cree que el producto de la proteína de eliminación de residuos de 24 aminoácidos (es decir, CsKIP2 de plantas resistentes) ha perdido su función como factor huésped.

35

Ejemplo 2: Cribado de germoplasma de pepino para la contribución de las variantes alélicas CsKIP9 frente a la resistencia/susceptibilidad.

40

Se determinó la secuencia de ADNc de CsKIP9 de 5 plantas de pepino. La Tabla 2 a continuación resume la planta probada y su resistencia al mildiú pulverulento.

Tabla 2. Plantas de pepino usadas para la secuenciación de ADNc de CsKIP9

Planta de pepino	Resistencia al mildiú pulverulento
OK561	-
OK537	-
OK619	-
OK123	-
OK563	-

Las secuencias de aminoácidos codificadas por los cDNA se alinearon como se muestra en la Figura 4. Se encontró una sustitución de aminoácido de la asparagina (N) por ácido aspártico (D) (LEEN a LEED) en la posición 284 de CsKIP9 (SEQ ID No. 2) para correlacionarse con la resistencia al mildiú pulverulento observado.

Ejemplo 3: Planta de pepino resistente al moho pulverulento sin función CsKIP9.

Se determinó la secuencia de cDNA CsKIP9 de una planta de pepino resistente al mildiú pulverulento y se definió una subestación de aminoácidos en el exón 3. Específicamente, la secuencia de codificación de los primeros aminoácidos del exón 3 (posiciones 61 a 63 de la SEQ ID N° 2) de CsKIP9 funcional son ácido glutámico (E) - leucina (L) - metionina (M) [ELM]. Sin embargo, en la planta de pepino resistente al mildiú pulverulento identificada, esta secuencia se mutó a alanina (A) - treonina (T) - isoleucina (I) [ATI], lo que indica que esta sustitución en CsKIP9 se correlaciona con la resistencia al mildiú pulverulento observada.

La resistencia al mildiú pulverulento que proporciona los genes identificados en este documento se resume en la tabla 3 a continuación. Las secuencias de ADNc y aminoácidos proporcionadas son los genes resistentes al mildiú pulverulento en su forma funcional, es decir, que proporcionan resistencia al mildiú pulverulento cuando se deterioran al nivel de la proteína, tal como por mutación, o al nivel de expresión.

Tabla 3. Secuencias de ADNc y de aminoácidos de los presentes genes

Identidad del gen	Planta	Tipo de secuencia	SEQ ID NO.
CsKIP9	Cucumis sativus	cADN	1
		aa	2
CsKIP2	Cucumis sativus	cADN	3
		aa	4
CsKIP1	Cucumis sativus	cADN	5
		aa	6
CsKIP3	Cucumis sativus	cADN	7
		aa	8
CsKIP4	Cucumis sativus	cADN	9
		aa	10
CsKIP5	Cucumis sativus	cADN	11
		aa	12
CsKIP6	Cucumis sativus	cADN	13
		aa	14
CsKIP7	Cucumis sativus	cADN	15
		aa	16
CsKIP8	Cucumis sativus	cADN	17
		aa	18
CsKIP10	Cucumis sativus	cADN	19
		aa	20
CsKIP11	Cucumis sativus	cADN	21
		aa	22

Listado de secuencias

<110> Enza Zaden Beheer B.V. DIERGAARDE, Paul Johan VAN ENCKEVORT, Leonora Johanna Gertruda POSTHUMA, Karin Ingeborg PRINS, Marinus Willem Keygene N.V.

<120> GENES QUE PROPORCIONAN RESISTENCIA AL MILDIÚ PULVERULENTO EN CUCUMIS SATIVUS

5 <130> 4/2MF77/31P

<160> 23

<170> BiSSAP 1.0

<210> 1

<211> 1782

10 <212> ADN

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1782

15 <223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP9" /organismo="Cucumis sativus"

<400> 1

atggccggag	gtggcgccgg	aaggtccttg	gaagagacgc	cgacatgggc	cgtcgccgcc	60
gtgtgctttg	ttttggttct	gatttctatt	atcatcgaac	acattctcca	tctcatcgga	120
aagtggctaa	agaagaaaca	caaacgagct	ctctacgaag	ctctggagaa	gattaaatca	180
gaactgatgc	tggtgggatt	catatcgctg	ctgctgacgg	tgggacaaaag	cctaatacaca	240
aatgtttgta	taccacctga	cgtggcagcc	acgtggcatc	catgtagtcc	tcaaagagaa	300
gaagaattaa	ctaaagaagc	tgacctcgtc	gattccgacc	aaaatcgtcg	aaaacttctc	360
gccctctccc	atcacgtcaa	cgccaccttc	cgcggttccc	tcgccgctgc	cggtggtacc	420
gacaaatgtg	ctgccaaggg	taaagtcca	tttgatcgg	aaggggggat	tcatcagcta	480
catatattca	tcttcgtact	ggcagttttc	catgttttgt	attgtgtttt	aacttttagct	540
ttgggcaatg	ccaagatgag	aagttggaag	tcatgggaaa	aagagacaag	aactgtggag	600
tatcaattct	cacacgatcc	ggaacggttt	cgatttgcaa	gagacacgtc	atttgggaga	660
agacacttaa	gcttttggac	aaaatcccct	ttcctcatat	ggattgtttg	tttcttcaga	720
caattcgtaa	ggtcggttcc	aaaggttgat	tacttgacct	taagacatgg	tttcgtcatg	780
gcacatctgg	caccgcacag	cgatcagaaa	tttgactttc	aaaaatacat	aaaacgatct	840
cttgaagaaa	atttcaaggt	ggtggtcagt	atcagccctc	cgatatgggt	ctttgctgtc	900

ES 2 698 002 T3

```

ctcttcctac ttttcaacac ccacgggtgg agggcttata tatggctacc ctttgttccg      960
ttaattatag tgttattggt ggggacaaag ttgcaagtga taataacgaa aatggcgctg      1020
aggatacaag aaagaggaga agtggtgaaa ggagtgccgg tggtagagcc aggggatgac      1080
cttttttggg tcaatcgccc tcgtcttatt ctttacctta tcaattttgt cctcttcag      1140
aatgcctttc agcttgccct ttttgcttgg acttggaag aatttgggat gaaatcttgt      1200
ttccatgagc acacagagga tttggtcatc agaataacaa tgggggttct cgttcaaata      1260
ctttgcagtt atgtcacact gccactttac gctctagtca cacagatggg ttcgacgatg      1320
aagcccacga ttttcaacga aagagtagcg acggcggtga gaaactggca ccacactgct      1380
cgtaaacaca taaaacaaaa tcgtgggtca atgacgccga tgtcgagccg ccctgcaacc      1440
ccctcccacc acttgtcacc cgtccacctc cttgccact atcgaagcga attagatagc      1500
gttcatacgt ctctagaag atccaatttc gacaccgatc agtgggaccc tgattcccct      1560
tccccctccc cttccacca ctttcaccgc cgtcccatc cggcgacgg ctccatttcc      1620
aaccatcacc gtgatgtgga ggccggggat cttgatgtcg atgttgaata gcctcaaccc      1680
gaccgaacga ccagtcfaat aaaccaaca aatattgagc accatgaaat tgacgtgggg      1740
tctaacgaat tctcattcga tagaagagtt gatagagtat aa                        1782

```

<210> 2

<211> 593

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..593

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CSKIP9" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 2

```

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

```


ES 2 698 002 T3

Thr Phe Arg Arg Ser Leu Ala Ala Ala Gly Gly Thr Asp Lys Cys Ala
 130 135 140
 Ala Lys Gly Lys Val Pro Phe Val Ser Glu Gly Gly Ile His Gln Leu
 145 150 155 160
 His Ile Phe Ile Phe Val Leu Ala Val Phe His Val Leu Tyr Cys Val
 165 170 175
 Leu Thr Leu Ala Leu Gly Asn Ala Lys Met Arg Ser Trp Lys Ser Trp
 180 185 190
 Glu Lys Glu Thr Arg Thr Val Glu Tyr Gln Phe Ser His Asp Pro Glu
 195 200 205
 Arg Phe Arg Phe Ala Arg Asp Thr Ser Phe Gly Arg Arg His Leu Ser
 210 215 220
 Phe Trp Thr Lys Ser Pro Phe Leu Ile Trp Ile Val Cys Phe Phe Arg
 225 230 235 240
 Gln Phe Val Arg Ser Val Pro Lys Val Asp Tyr Leu Thr Leu Arg His
 245 250 255
 Gly Phe Val Met Ala His Leu Ala Pro His Ser Asp Gln Lys Phe Asp
 260 265 270
 Phe Gln Lys Tyr Ile Lys Arg Ser Leu Glu Glu Asn Phe Lys Val Val
 275 280 285
 Val Ser Ile Ser Pro Pro Ile Trp Phe Phe Ala Val Leu Phe Leu Leu
 290 295 300
 Phe Asn Thr His Gly Trp Arg Ala Tyr Leu Trp Leu Pro Phe Val Pro
 305 310 315 320
 Leu Ile Ile Val Leu Leu Val Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Ile Thr
 325 330 335
 Lys Met Ala Leu Arg Ile Gln Glu Arg Gly Glu Val Val Lys Gly Val
 340 345 350
 Pro Val Val Glu Pro Gly Asp Asp Leu Phe Trp Phe Asn Arg Pro Arg
 355 360 365
 Leu Ile Leu Tyr Leu Ile Asn Phe Val Leu Phe Gln Asn Ala Phe Gln
 370 375 380
 Leu Ala Phe Phe Ala Trp Thr Trp Lys Glu Phe Gly Met Lys Ser Cys
 385 390 395 400
 Phe His Glu His Thr Glu Asp Leu Val Ile Arg Ile Thr Met Gly Val
 405 410 415
 Leu Val Gln Ile Leu Cys Ser Tyr Val Thr Leu Pro Leu Tyr Ala Leu
 420 425 430
 Val Thr Gln Met Gly Ser Thr Met Lys Pro Thr Ile Phe Asn Glu Arg
 435 440 445
 Val Ala Thr Ala Leu Arg Asn Trp His His Thr Ala Arg Lys His Ile
 450 455 460
 Lys Gln Asn Arg Gly Ser Met Thr Pro Met Ser Ser Arg Pro Ala Thr
 465 470 475 480
 Pro Ser His His Leu Ser Pro Val His Leu Arg His Tyr Arg Ser
 485 490 495
 Glu Leu Asp Ser Val His Thr Ser Pro Arg Arg Ser Asn Phe Asp Thr
 500 505 510
 Asp Gln Trp Asp Pro Asp Ser Pro Ser Pro Ser Pro Ser His His Phe
 515 520 525
 His Arg Arg Pro His Pro Gly Asp Gly Ser Ile Ser Asn His His Arg
 530 535 540
 Asp Val Glu Ala Gly Asp Leu Asp Val Asp Val Glu Ser Pro Gln Pro
 545 550 555 560
 Asp Arg Thr Thr Gln Ser Ile Asn Pro Thr Asn Ile Glu His His Glu
 565 570 575
 Ile Asp Val Gly Ser Asn Glu Phe Ser Phe Asp Arg Arg Val Asp Arg
 580 585 590
 Val

<210> 3

<211> 1725

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1725

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP2" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 3

ES 2 698 002 T3

```

atggctgaat gtggaacaga gcagcgtact ttggaagata cctcaacttg ggctgttgcg      60
gttgttttgtt ttttcttggt tgttatttca atcttcattg aacatgtcat tcacctcact      120
ggaaagtggc tggagaaaag gcacaagcca gctcttggtg aagctctaga aaaggttaaa      180
gcagagctta tgctattggg attcatatcc ctacttctaa cgataggcca agatgctgtc      240
actcaaattt gtgtttcgaa agagcttgca gcaacttggc ttccctgtgc agcaagagct      300
aaaacaggag taaaagttgc gaagaacagt cgtcttagac ttcttgaatt tttagatcct      360
gactatgggt cgagggcgtat tttagcctcg aaaggagatg atgcatgcgc taagaggggc      420
caactcgctt tcgtgtcggc atatggaatc catcagctcc atattttcat cttcgtattg      480
gctgtcttcc atgtcctgta ctgcatcata actttggctt ttggcagaac aaagatgagc      540
aatggaagg cctgggagga tgaaccaag acaattgaat accagtacta taatgatcca      600
gcaagattta gatttgctag agatactacg tttggacgcc gacacttgag cttctggagt      660
cgtacaccaa tttccctctg gattgtttgt ttcttcagac agttcttttg atcagttacc      720
aaggttgatt acatgacact gagacatgga ttcattgttg cacatcttgc acccggaagt      780
gaagtaaaat ttgatttcca caaatacatt agcagatctc tggaagacga ctttaaagtt      840
gttgtgggga ttagtcccg cgttcagcct cgggatgacc tgttttggtt tggacgtcca      900
aatgggtggt attcatatct atggctgcct ttcactcct taattataat tctattggtg      960
ggaacaaagc tccatgttat tataactcat atgggattga caattcaaga aaggggtcat      1020
gttgtgaagg gtgttcccg cgttcagcct cgggatgacc tgttttggtt tggacgtcca      1080
caacttattc tcttctgat ccactttgtt ctctttatga atgcatttca gcttgccctc      1140
tttgcttggg ccacatatgc atttaagtgg atgggttggt tccatcagcg agttgaagat      1200
attgtcatca gactctcaat gggggttatc atacaagttc tctgcagtta tgtcacactc      1260
ccactctatg ctttggttac tcagatgggc tctaacatga gaccaaccat tttcaacgac      1320
cgagtggcga cggcattgaa gaactggcac cactcagcca agaagaacat gaagcagcac      1380
cgcaaccag acagtacctc accattctca agcaggccag ctactccaac tcacggcatg      1440
tctctattc accttctgca caaacatcag catggcagca catctcccag gctatccgat      1500
gccgaaccg atcgttggga agagttgcct cttcttcac accatagtag agcccccat      1560
catgataatc atcaagatca acaagaacaa tctgagacaa taattagaga acaggagatg      1620
acagttcaag gaccaagttc aagtgaacc ggttcataa cagtcctgc tcgccctcat      1680
caggaaatca ctaggactcc atcagacttc tcatttgcca aatga      1725

```

<210> 4

5 <211> 574

<212> PRT

<213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

10 <222> 1..574

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP2" /organismo="Cucumis sativus"

<400> 4

ES 2 698 002 T3

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

ES 2 698 002 T3

Ser Leu Glu Asp Asp Phe Lys Val Val Val Gly Ile Ser Pro Ala Met
 275 280 285
 Trp Leu Phe Ala Val Leu Phe Ile Leu Thr Asn Thr Asn Gly Trp Tyr
 290 295 300
 Ser Tyr Leu Trp Leu Pro Phe Ile Ser Leu Ile Ile Ile Leu Leu Val
 305 310 315 320
 Gly Thr Lys Leu His Val Ile Ile Thr His Met Gly Leu Thr Ile Gln
 325 330 335
 Glu Arg Gly His Val Val Lys Gly Val Pro Val Val Gln Pro Arg Asp
 340 345 350
 Asp Leu Phe Trp Phe Gly Arg Pro Gln Leu Ile Leu Phe Leu Ile His
 355 360 365
 Phe Val Leu Phe Met Asn Ala Phe Gln Leu Ala Phe Phe Ala Trp Thr
 370 375 380
 Thr Tyr Ala Phe Lys Trp Met Gly Cys Phe His Gln Arg Val Glu Asp
 385 390 395 400
 Ile Val Ile Arg Leu Ser Met Gly Val Ile Ile Gln Val Leu Cys Ser
 405 410 415
 Tyr Val Thr Leu Pro Leu Tyr Ala Leu Val Thr Gln Met Gly Ser Asn
 420 425 430
 Met Arg Pro Thr Ile Phe Asn Asp Arg Val Ala Thr Ala Leu Lys Asn
 435 440 445
 Trp His His Ser Ala Lys Lys Asn Met Lys Gln His Arg Asn Pro Asp
 450 455 460
 Ser Thr Ser Pro Phe Ser Ser Arg Pro Ala Thr Pro Thr His Gly Met
 465 470 475 480
 Ser Pro Ile His Leu Leu His Lys His Gln His Gly Ser Thr Ser Pro
 485 490 495
 Arg Leu Ser Asp Ala Glu Pro Asp Arg Trp Glu Glu Leu Pro Pro Ser
 500 505 510
 Ser His His Ser Arg Ala Pro His His Asp Asn His Gln Asp Gln Gln
 515 520 525
 Glu Gln Ser Glu Thr Ile Ile Arg Glu Gln Glu Met Thr Val Gln Gly
 530 535 540
 Pro Ser Ser Ser Glu Thr Gly Ser Ile Thr Arg Pro Ala Arg Pro His
 545 550 555 560
 Gln Glu Ile Thr Arg Thr Pro Ser Asp Phe Ser Phe Ala Lys
 565 570

<210> 5

<211> 1749

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1749

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP1" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 5

atggcgggggg cagccggtgg caagtcgctg gagcaaacac cgacatgggc cgttgccgtt	60
gtttgctttg ttttgctcgt catctctatt ttcacgaat atagtctcca tcttatcgga	120
cattggctaa agaagagaca caaacgggcg ttgtttgaag cattagagaa gatcaaatca	180
gagcttatgt tattgggggtt tatatcattg ctactaacgg tggggcaagg accaataacg	240

ES 2 698 002 T3

gagatatgta ttccacaaca tgtagctgca acgtggcatc catgtacaaa ggaaagagaa 300
gatgagatga acaaagaggt ggagaaatct gtggaacatt tgggtcttga tcgccggaga 360
ctccttcac ctcctcgaaa tggtgaaagt ttccggcgga gtttggccgc tgcgggagga 420
gaggataaat gtgccgcaa gggtaaagct tcctttatct cagcagatgg aattcatcaa 480
cttcataatct tcatttttgt gttggcagtt tttcatgttt tgtattgtgt tctaacttat 540
gcgttggcta gagctaagat gaggagtggg aaaacatggg aaaaagagac caaaactgct 600
gaataaccaat tctcacatga tccagagagg tttaggtttg caagagacac ctcatttggg 660
agaagacatt tgagcttttg gacaaaaat cctgccttga tgtggatcgt tcgtttcttc 720
agacaatttg taagatctgt tccaaaagtt gattacttga cattaagaca tgggtttata 780
atggcacatt tagcacctca aagtcttaca caatttgatt ttcaaaaata cattaataga 840
tcccttgaag aagacttcaa agttgtgtg ggaatcagcc cgccaatttg gttctttgct 900
gttctatctc tcctctcaaa cactcacggt tggaggcggt atctatgggt gccattcatc 960
ccactaatca ttttgctgtt gattggaaca aaattgcaag tgatcataac gaaaatggca 1020
ctaagaatac aagaaagagg tgaagtagtg aagggcgtgc cgggtggtgga gcctggcggt 1080
gacctctttt gggttaatcg gcctgcctt attctttatc tcactcaactt tgttctcttt 1140
caaaatgcct tccaagttgc cttctttgct tggacttgggt atgagtttgg gttgaattct 1200
tgcttccatg agcatataga agatgtgtg atcagaatct ctatgggggt gcttgtaaca 1260
atcctttgca gttatgttac tcttctctt tatgcactag tcaactcagat ggggtcaaca 1320
atgaagccaa ctatattcaa tgagagagtg gcagaggccc ttcgcaattg gtaccactcg 1380
gctcgaaagc acatcaaaca caaccgcggt tcggtcactc caatgtcgag ccgaccgcgc 1440
accccgactc acagcatgtc gcctgtccac cttctccgac actacaagag tgaagtcgat 1500
agcttccaca cctcaccgag aaggtcaccg ttcgacaccg atcgttggga caacgattcg 1560
ccctctccat ctgcctatgt tgatggttcg tcttcgtcac aacccacgt tgagatggga 1620
ggttatgaaa aagatcccg tgaatcaagt tcgtctcgag ttgatccggt tcaaccatct 1680
cgaaaccgca atcaacatga gattcatatt ggaggcccca aagacttttc atttgataga 1740
gttgaatga 1749

<210> 6

<211> 582

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..582

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP1" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 6

ES 2 698 002 T3

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

ES 2 698 002 T3

Leu Val Thr Gln Met Gly Ser Thr Met Lys Pro Thr Ile Phe Asn Glu
 435 440 445
 Arg Val Ala Glu Ala Leu Arg Asn Trp Tyr His Ser Ala Arg Lys His
 450 455 460
 Ile Lys His Asn Arg Gly Ser Val Thr Pro Met Ser Ser Arg Pro Ala
 465 470 475 480
 Thr Pro Thr His Ser Met Ser Pro Val His Leu Leu Arg His Tyr Lys
 485 490 495
 Ser Glu Val Asp Ser Phe His Thr Ser Pro Arg Arg Ser Pro Phe Asp
 500 505 510
 Thr Asp Arg Trp Asp Asn Asp Ser Pro Ser Pro Ser Arg His Val Asp
 515 520 525
 Gly Ser Ser Ser Ser Gln Pro His Val Glu Met Gly Gly Tyr Glu Lys
 530 535 540
 Asp Pro Val Glu Ser Ser Ser Arg Val Asp Pro Val Gln Pro Ser
 545 550 555 560
 Arg Asn Arg Asn Gln His Glu Ile His Ile Gly Gly Pro Lys Asp Phe
 565 570 575
 Ser Phe Asp Arg Val Glu
 580

<210> 7

<211> 1551

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1551

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP3" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 7

atgggtggcg gaggtgaagg aacgacgctg gaattcactc cgacgtgggt tgtagccgcc	60
gtatgtactg tcatcgttgc catttctctc gccttagagc gccttcttca ctttctcggc	120
agatacctca aaagcaagaa tcaaaagccg ctcaatgaag ctcttcagaa agttaaagaa	180
gaattgatgc ttttgggggt catttcactt ctgctcactg tatttcaagg caccatctct	240
aaattgtgtg ttccctgagag ttgactgaa catttacttc cgtgtgatct gaaggataaa	300
ccgaaagctg aacatgggtc gccctctggt gaatctgggt cgtcaacgac gaagcatttt	360
caaacgttat ttgtttcgag tatttctggt acggccaggc ggcttctttc tgagggatct	420
gcttcacaag ctggttactg tgccaaaaag aataaggtgc cattgctatc tcttgaagca	480
ttgcatcatc tacatatattt tatcttcac ctagctatcg tccacgtgac attttgcggt	540
ctcactgtag tttttggagg attgaagatt cgccagcgga agcattggga ggattctatt	600
gcaaaagaga attatgatac tgaacaagtt ctaaaaccaa aggtcactca tgtccatcaa	660
catgttttta tcaaagacca ctttttgggc ttttgtaaag attcagctct tcttggttgg	720
ttgcattcat ttctcaagca attttatgct tctgtaacaa aatcagatta tgcaacgtta	780

ES 2 698 002 T3

```

cgacttggtt tcattacgac gcactgcagg ggaaatccaa agtttaattt tcacaagtac      840
atgatacgtg cccttgaaga tgacttcaag catgttggtg gtatcagttg gtatctttgg      900
atattcgtgg ttgtcttctt gttccttaat gtcagtgggt ggcatacata tttctggata      960
gcattcattc ctttcgttct tctgcttgct gtgggaacga agctggaaca tgtgataacc     1020
cagctggctc atgaggttgc agagaagcac atagcaatcg aaggtgatct agtagtccaa     1080
ccgtctgatg atcacttttg gttccaacgt ccccgatttg ttctcttctt gatccacttt     1140
atacttttcc aaaacgcttt tgagattgga tttttcttct ggatatgggt tcaatatgga     1200
tttgactcgt gcatcatggg acaagtccgc tatatcattc caaggctcat cattgggggtg     1260
tttgttcagg ttctttgcag ttacagcacc cttctgctct gcgccattgt cactcagatg     1320
ggaagttctt tcaagaaagc aatctttgat gaacatgtac aagtagggct agttggctgg     1380
gctcagaagg tgaagaaaag aaagggactt agagcagctg ctgatggctc cagtcaagga     1440
gtcaaggaag gtggttcaac tgtggggatt cagttgggaa atgttatgcg caaggcttct     1500
gcacctcaag aaattaagcc tgatgactcc aaatcaaatg atattcctta g              1551

```

<210> 8

<211> 516

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..516

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP3" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 8

```

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

```


ES 2 698 002 T3

Leu His His Leu His Ile Phe Ile Phe Ile Leu Ala Ile Val His Val
 165 170 175
 Thr Phe Cys Val Leu Thr Val Val Phe Gly Gly Leu Lys Ile Arg Gln
 180 185 190
 Arg Lys His Trp Glu Asp Ser Ile Ala Lys Glu Asn Tyr Asp Thr Glu
 195 200 205
 Gln Val Leu Lys Pro Lys Val Thr His Val His Gln His Val Phe Ile
 210 215 220
 Lys Asp His Phe Leu Gly Phe Gly Lys Asp Ser Ala Leu Leu Gly Trp
 225 230 235 240
 Leu His Ser Phe Leu Lys Gln Phe Tyr Ala Ser Val Thr Lys Ser Asp
 245 250 255
 Tyr Ala Thr Leu Arg Leu Gly Phe Ile Thr Thr His Cys Arg Gly Asn
 260 265 270
 Pro Lys Phe Asn Phe His Lys Tyr Met Ile Arg Ala Leu Glu Asp Asp
 275 280 285
 Phe Lys His Val Val Gly Ile Ser Trp Tyr Leu Trp Ile Phe Val Val
 290 295 300
 Val Phe Leu Phe Leu Asn Val Ser Gly Trp His Thr Tyr Phe Trp Ile
 305 310 315 320
 Ala Phe Ile Pro Phe Val Leu Leu Leu Ala Val Gly Thr Lys Leu Glu
 325 330 335
 His Val Ile Thr Gln Leu Ala His Glu Val Ala Glu Lys His Ile Ala
 340 345 350
 Ile Glu Gly Asp Leu Val Val Gln Pro Ser Asp Asp His Phe Trp Phe
 355 360 365
 Gln Arg Pro Arg Ile Val Leu Phe Leu Ile His Phe Ile Leu Phe Gln
 370 375 380
 Asn Ala Phe Glu Ile Gly Phe Phe Phe Trp Ile Trp Val Gln Tyr Gly
 385 390 395 400
 Phe Asp Ser Cys Ile Met Gly Gln Val Arg Tyr Ile Ile Pro Arg Leu
 405 410 415
 Ile Ile Gly Val Phe Val Gln Val Leu Cys Ser Tyr Ser Thr Leu Leu
 420 425 430
 Leu Cys Ala Ile Val Thr Gln Met Gly Ser Ser Phe Lys Lys Ala Ile
 435 440 445
 Phe Asp Glu His Val Gln Val Gly Leu Val Gly Trp Ala Gln Lys Val
 450 455 460
 Lys Lys Arg Lys Gly Leu Arg Ala Ala Ala Asp Gly Ser Ser Gln Gly
 465 470 475 480
 Val Lys Glu Gly Gly Ser Thr Val Gly Ile Gln Leu Gly Asn Val Met
 485 490 495
 Arg Lys Ala Ser Ala Pro Gln Glu Ile Lys Pro Asp Asp Ser Lys Ser
 500 505 510
 Asn Asp Ile Pro
 515

<210> 9

<211> 1641

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1641

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP4" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 9

ES 2 698 002 T3

```

atgttgctgg ttgtttatta tttgtgcttg agcttggtgt gggggaaatc gtggggggct    60
ccggccagcg atggcaccac gagggagctc gatcagactc cgacatgggc tgttgctggg    120
gtttgtgcta ttattatcct tatttctatc gccttgagaa aactccttca taaagctgga    180
acgtggctca cggaaaagca caagagagct ctctttgaag ctctggagaa agttaagct    240
gagctgatga ttctgggttt catttctactg ctctcacct ttggacagaa ctacatcatt    300
aaaatatgca ttcccacaaa ggttgcaaat actatggtgc catgtgctgc caaagaggac    360
aaattggaga agggagatga aggcgaacat catcgacgac ttctaatagt tgaacggagg    420
ttcttggttg ctgctgggtg cgctgttagt tgcaaagaag gtcattgtgc gcttatatct    480
atctcgggat tgcattcagt gcacttgttt atcttcttct tagccgtatt tcatgtggta    540
tatagtgcc tacaatgat gcttgggagg ctaaagattc gaggttgga ggcatgggag    600
gaggagacct caactcacia ttatgagttc tcaaatagata atgcacgatt caggcttact    660
cacgaaacat catttgtgaa agcccacacg agtttttga caaaacttcc cgtcttcttt    720
tatattggat gcttcttccg acaatttttc aagtccgttg gtcaccttgc tccgggaagt    780
aaatttgact ttcaaaaata tatcaaaagg tctctagaag atgacttcaa aataattgtg    840
ggagttagtc ccgtgctttg gacatcgttt gtggtcttct tgctcataaa tgtttacgga    900
tggcaagcat tgttttggtc atccttagtt cctgtgatca taatcctagc tgttgaacc    960
aagcttcaag gagttatgac aaagatggct ctcgaaatta cagaaagaca tgctgttgct 1020
caaggaattc ctctcgttca ggcacagat aaatatTTTT ggtttggcaa gcctcagctg 1080
gttctttacc tcatccactt cgctttatTT tcgaatgcat tccaaataac atacttcttc 1140
tggatttggg attccttttg gttaaaatcc tgctccata ctgatttcaa gtcgcaatc 1200
attaaagtTg gtctcggggT tggcgTtctc tgtctctgca gttatataac tcttccactc 1260
tatgtctctg tcaactcagat gggTacgct atgaagaagt caatctttga tgaacaaaca 1320
tcgaaggctc ttaagaagtG gcacatggct gttagaagc gacatgggaa gtccccaact 1380
cgaaaactag ggagtccaag ttcacacca attcatccat catcaggata cgcattgcat 1440
cgtttcaaga ccacaggTca ctcgaaacaga tcatccatgt atgatgagaa tgacgcatca 1500
gattatgaag tcgacactcc aaattttaca gttagaatag accatggTga tgaacatcaa 1560
gctgaaataa ttgaaccca gcatacagaa aaaaggaatg aagacgattt ctcttttgTc 1620
aaacctggac carsgaaatg a                                     1641

```

<210> 10

<211> 546

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..546

<223> /tipo_mol="proteina" /nota="proetin CsKIP4" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 10

ES 2 698 002 T3

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

ES 2 698 002 T3

Ile Lys Val Gly Leu Gly Val Gly Val Leu Cys Leu Cys Ser Tyr Ile
 405 410 415
 Thr Leu Pro Leu Tyr Ala Leu Val Thr Gln Met Gly Thr Arg Met Lys
 420 425 430
 Lys Ser Ile Phe Asp Glu Gln Thr Ser Lys Ala Leu Lys Lys Trp His
 435 440 445
 Met Ala Val Lys Lys Arg His Gly Lys Ser Pro Thr Arg Lys Leu Gly
 450 455 460
 Ser Pro Ser Ser Ser Pro Ile His Pro Ser Ser Gly Tyr Ala Leu His
 465 470 475 480
 Arg Phe Lys Thr Thr Gly His Ser Asn Arg Ser Ser Met Tyr Asp Glu
 485 490 495
 Asn Asp Ala Ser Asp Tyr Glu Val Asp Thr Pro Asn Phe Thr Val Arg
 500 505 510
 Ile Asp His Gly Asp Glu His Gln Ala Glu Ile Ile Glu Pro Gln His
 515 520 525
 Thr Glu Lys Arg Asn Glu Asp Phe Ser Phe Val Lys Pro Gly Pro
 530 535 540
 Thr Lys
 545

<210> 11

<211> 1638

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1638

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP5" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 11

atgggtggcg gtgccggtgc cggtggtccg agtagggagt tagatcaaac tccgacatgg	60
gccgttgccg ctgtttgtgc agtcatcatt cttatttcca tcatattgga aaagggtcctt	120
cacatggttg gagagatatt tcaaaaaagg aaaaagaaag cttgtatga agcgctcgag	180
aaagttaaag gaggggagct tatggtttta ggattcattt ctttgctctt aacatttggg	240
caaaattata ttgctaaagt ttgtataccc tcaaagtatg aaaatactat gttgccttgc	300
ccttttagag ggagtagtac tactttacct aaaagctccc atcacgccga gcctgatgat	360
gatgaagaga cttccgatca ccatcgtagg cttctttggt acgagcatcg acgtctaggt	420
ggtggtggtt ctgtagaagg ttgcaaacca ggtatacac aacttatatc tctaaatggt	480
ttgcatcaaa tacatatctt catcttcttt ctagccgttc tccatgttgt atttagtgcc	540
ataacgatga ctctcggaag attgaaaatt cgtgcgtgga aggtatggga aagacagacc	600
gaacaagaac atgatgccat gaacgaccc acaaggttta gacttactca cgagacatcc	660
tttgtgagag atcacagcag tttttggacc aaaaccccc tctcctttta ctttgatgc	720
ttctggaggc aattcttttag gtccgttagt aggccagatt acttgtccct tagacatggt	780

ES 2 698 002 T3

```

tttgtcactg tccatthtagc ccctgggagt aaatttgact ttcagaagta cattaaaagg      840
tcattagaag atgactthtaa ggtgggtcgtg ggaatcagtc ctctgctatg ggcatcaatg      900
gtgctthtttc tgctthctcaa tgttaatggg tggcaagtta tgtthttgggt gtctatattt      960
cctctagtgg tgatcttagc tgttggaaca aagttgcaag gaattataac acaaatggct     1020
cttgaaatca aagaaagaca tgcagtggtt caagggattc cccttggtca agtctctgat     1080
agacatthttt ggtthtagttg gcccatthttg gttctthtate tcatccatta tgtcctthttc  1140
cagaatgcat ttgagattac atattthcttt tggatatggt atgaatttgg gttgagatca     1200
tgctthcatg acaactthtga tcttattatc gcgagagttg gtctaggggt tggagtccag     1260
atthttgtgca gttacattac actcccattha tatgctcttg taactcagat gggatcaaca     1320
atgaagaaat ccatatthtga tgaacaaact tcgaaagcat tgaagcaatg gcatagaagt     1380
gctthtgaaga aaaagaacga aggaggaaag cctgaaccaa cgccgatgcg aactthtaggc     1440
ggtgccgttg ttgttgaggg aagccctccc gagtcaccga tacaacaacc tttgcatgat     1500
caattccaac atcaaacat gactcaatca tcaccaaccg acgtcgaagc ctccgccgtt      1560
ccttcagtca acataatgac taccgttgat ctccaccaac aacagcaaaa ctattccaat     1620
cgtgacttgt tgagatga                                           1638

```

<210> 12

<211> 545

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..545

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP5" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 12

```

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

```

ES 2 698 002 T3

Arg Arg Leu Leu Trp Tyr Glu His Arg Arg Leu Gly Gly Gly Gly Ser
 130 135 140
 Val Glu Gly Cys Lys Pro Gly Tyr Thr Gln Leu Ile Ser Leu Asn Gly
 145 150 155 160
 Leu His Gln Ile His Ile Phe Ile Phe Phe Leu Ala Val Leu His Val
 165 170 175
 Val Phe Ser Ala Ile Thr Met Thr Leu Gly Arg Leu Lys Ile Arg Ala
 180 185 190
 Trp Lys Val Trp Glu Arg Gln Thr Glu Gln Glu His Asp Ala Met Asn
 195 200 205
 Asp Pro Thr Arg Phe Arg Leu Thr His Glu Thr Ser Phe Val Arg Asp
 210 215 220
 His Ser Ser Phe Trp Thr Lys Thr Pro Leu Ser Phe Tyr Phe Val Cys
 225 230 235 240
 Phe Trp Arg Gln Phe Phe Arg Ser Val Ser Arg Pro Asp Tyr Leu Ser
 245 250 255
 Leu Arg His Gly Phe Val Thr Val His Leu Ala Pro Gly Ser Lys Phe
 260 265 270
 Asp Phe Gln Lys Tyr Ile Lys Arg Ser Leu Glu Asp Asp Phe Lys Val
 275 280 285
 Val Val Gly Ile Ser Pro Leu Leu Trp Ala Ser Met Val Leu Phe Leu
 290 295 300
 Leu Leu Asn Val Asn Gly Trp Gln Val Met Phe Trp Val Ser Ile Phe
 305 310 315 320
 Pro Leu Val Val Ile Leu Ala Val Gly Thr Lys Leu Gln Gly Ile Ile
 325 330 335
 Thr Gln Met Ala Leu Glu Ile Lys Glu Arg His Ala Val Val Gln Gly
 340 345 350
 Ile Pro Leu Val Gln Val Ser Asp Arg His Phe Trp Phe Ser Trp Pro
 355 360 365
 Ile Leu Val Leu Tyr Leu Ile His Tyr Val Leu Phe Gln Asn Ala Phe
 370 375 380
 Glu Ile Thr Tyr Phe Phe Trp Ile Trp Tyr Glu Phe Gly Leu Arg Ser
 385 390 395 400
 Cys Phe His Asp Asn Phe Asp Leu Ile Ile Ala Arg Val Gly Leu Gly
 405 410 415
 Val Gly Val Gln Ile Leu Cys Ser Tyr Ile Thr Leu Pro Leu Tyr Ala
 420 425 430
 Leu Val Thr Gln Met Gly Ser Thr Met Lys Lys Ser Ile Phe Asp Glu
 435 440 445
 Gln Thr Ser Lys Ala Leu Lys Gln Trp His Arg Ser Ala Leu Lys Lys
 450 455 460
 Lys Asn Glu Gly Gly Lys Pro Glu Pro Thr Pro Met Arg Thr Leu Gly
 465 470 475 480
 Gly Ala Val Val Val Gly Gly Ser Pro Pro Glu Ser Pro Ile Gln Gln
 485 490 495
 Pro Leu His Asp Gln Phe Gln His Gln Thr Met Thr Gln Ser Ser Pro
 500 505 510
 Thr Asp Val Glu Ala Ser Ala Val Pro Ser Val Asn Ile Met Thr Thr
 515 520 525
 Val Asp Leu His Gln Gln Gln Gln Asn Tyr Ser Asn Arg Asp Leu Leu
 530 535 540
 Arg
 545

<210> 13

<211> 1872

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1872

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP6" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 13

ES 2 698 002 T3

```

atggatggtg ggatccatcg tcccacccat tgggtcatcc aattcaataa tgttgaactt      60
catccctcat ttacacacc ttgattact acttcacttt actttttcca aaattttatc      120
cttttcttct tcttcttctt cttcttcttc ttcttctttc ttatgtctgt tttttgtctt      180
tgcttctgcc ttttattgac tggcgccgcc gcgtccggtg gagacggcgg tcccactcc      240
agggatctcg ataacacacc cacctgggct gttgctgctg tttgcttctt ttcgttctt      300
atttccattg tcttgaaaa tggtattcac aaacttggaa cgtggttgac aaaaaagcac      360
aagagttctc tgtatgaagc tctggagaag gtaaggctg agttgatgat tttgggtttc      420
atctccctgc ttctgacttt tgctcaagca tatattgtcc aaatttgtat tcctccggcc      480
attgcaaact ccatgttgcc ccgtcgccgt gaagagaaaa atgcctcaac cgatgaagac      540
gaacatcacc ggagactaca atggctaatt cgaagatcat tggctggagg tcacaatgtt      600
gtctcgtgtg aggatggtaa ggtgtctctt atatccattg atggattgca tcagttgcat      660
attctcattt tcttcttagc tgtgtttcat gtgtctttta gtgttatcac aatgacactt      720
ggaaggataa agattcgagg ctggaaggag tgggagcagg aaacttcaac gcataactat      780
gagtttttca acgatcctgc aagatttagg cttactcacg agacatcttt tgtgaaagca      840
cacaccagct tttggacacg tcttcctttc ttcttctata ttagttgctt cttcaggcaa      900
ttttatgggt ctgttagtaa ggctgattac ttgacgctac gcaatggatt cataacagtt      960
catttagcac ctggaagtaa atttaacttc cagagatata tcaaaaggtc attagaagat     1020
gacttcaagg tagtcgctcg tgtgagtcct tttctatggg cgtcatttgt gatcttctctg     1080
ctccttaatt tatctggatg gcatacattg ttctgggcat catttatccc tctgcttata     1140
atcttagccg ttggatcaaa acttcaagcc attttgacta gaatggctct tgaaatctct     1200
gagaaacatg cagtgggtcca gggaattcca ctctgcaag gatccgacaa gtatttctgg     1260
ttcggcgccc ctcaactgat tcttcacttc atgcattttt ctttatttca gaatgcattc     1320
cagaccacct atattttgtc tacactgtat tcttttggcc tgaattcttg cttctttgat     1380
ggtcacatcc ttacaattat aaaagttggg ttaggggtag tagcattatt tctatgcagc     1440
tatgttacgc ttccaatata cgcccttgta aatcagatgg gttcaggtat gaagaggfcc     1500
atctttgatg aacagacatc aaaggcactc atgaaatggc aggaaacggc caagaagaag     1560
cgggctaaac gagcctcagc aactaaaacc ctcgagggta gttcaaatgc ttcacctcta     1620
cactcattgc gacgggttaa aactacagga cactccatac gtgtgcctac gtatgaggac     1680
cttgagtcac ctgattacga gggggatcca ttagcaacac ctacacaagc gtcaacaagt     1740
gaatcgatta atgttgatgt aaaagatgga gatgaaatac aacaaatcgc tgaaacagag     1800
caaccccaac gtacaattca aactaaagaa ggagatgagt tctcatttat aaagcctgca     1860
acactaggat aa

```

<210> 14

<211> 623

<212> PRT

<213> Cucumis sativus

<220>

5

<221> FUENTE

<222> 1..623

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP6" /organismo="Cucumis sativus"

<400> 14

```

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

```


ES 2 698 002 T3

His Glu Thr Ser Phe Val Lys Ala His Thr Ser Phe Trp Thr Arg Leu
275 280 285
Pro Phe Phe Phe Tyr Ile Ser Cys Phe Phe Arg Gln Phe Tyr Gly Ser
290 295 300
Val Ser Lys Ala Asp Tyr Leu Thr Leu Arg Asn Gly Phe Ile Thr Val
305 310 315 320
His Leu Ala Pro Gly Ser Lys Phe Asn Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Arg
325 330 335
Ser Leu Glu Asp Asp Phe Lys Val Val Val Gly Val Ser Pro Phe Leu
340 345 350
Trp Ser Ser Phe Val Ile Phe Leu Leu Leu Asn Leu Ser Gly Trp His
355 360 365
Thr Leu Phe Trp Ala Ser Phe Ile Pro Leu Leu Ile Ile Leu Ala Val
370 375 380
Gly Ser Lys Leu Gln Ala Ile Leu Thr Arg Met Ala Leu Glu Ile Ser
385 390 395 400
Glu Lys His Ala Val Val Gln Gly Ile Pro Leu Val Gln Gly Ser Asp
405 410 415
Lys Tyr Phe Trp Phe Gly Arg Pro Gln Leu Ile Leu His Leu Met His
420 425 430
Phe Ser Leu Phe Gln Asn Ala Phe Gln Thr Thr Tyr Ile Leu Ser Thr
435 440 445
Leu Tyr Ser Phe Gly Leu Asn Ser Cys Phe Phe Asp Gly His Ile Leu
450 455 460
Thr Ile Ile Lys Val Gly Leu Gly Val Val Ala Leu Phe Leu Cys Ser
465 470 475 480
Tyr Val Thr Leu Pro Ile Tyr Ala Leu Val Asn Gln Met Gly Ser Gly
485 490 495
Met Lys Arg Ser Ile Phe Asp Glu Gln Thr Ser Lys Ala Leu Met Lys
500 505 510
Trp Gln Glu Thr Ala Lys Lys Lys Arg Ala Lys Arg Ala Ser Ala Thr
515 520 525
Lys Thr Leu Gly Gly Ser Ser Asn Ala Ser Pro Leu His Ser Leu Arg
530 535 540
Arg Phe Lys Thr Thr Gly His Ser Ile Arg Val Pro Thr Tyr Glu Asp
545 550 555 560
Leu Glu Ser Ser Asp Tyr Glu Gly Asp Pro Leu Ala Thr Pro Thr Gln
565 570 575
Ala Ser Thr Ser Glu Ser Ile Asn Val Asp Val Lys Asp Gly Asp Glu
580 585 590
Ile Gln Gln Ile Ala Glu Thr Glu Gln Pro His Ser Thr Ile Gln Thr
595 600 605
Lys Glu Gly Asp Glu Phe Ser Phe Ile Lys Pro Ala Thr Leu Gly
610 615 620

<210> 15

<211> 1662

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1662

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP15" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 15

atggctgaaa atgaacagga gactcgatct ttggctttga ctcccacttg gtctgttgct

60

ES 2 698 002 T3

```
tctgtgctga ctattttctg tgcagtctct ttgcttgtgg agcgggtccat tcaccggtta 120
agcacttggg tggggaaacc taatcgaaag ccactgtttg aggagtgga gaaaatgaaa 180
gaagagtga tgctgcttgg atttatctct ctctttttaa cagctacttc aagctcaata 240
tcaaatatct gcgttccatc aaagttctac aataccctt ttactccatg caccagagct 300
gaggctgacg aacatgaaga tgacaattca tccgaggaac ggaaactata tacagcttct 360
gtattacccc atttgttttag gcggatgctt aatgtgaata agaaaacctg caaagagggg 420
tatgagccgt ttgtttcata tgagggctct gagcaattgc atcgctttat ctttataatg 480
gcagtaactc atatatctta tagctgctta acaatgttac tcgcaattgt gaagattcac 540
agatggaggg tttgggagaa tgaagcccat atggacagac atgattcact aatgatatac 600
acaagagaaa tgacgttgcg gaggcaatca acctttgttc gatatacacac ttcaaactct 660
atgacaagga acagttttct aatctgggtg acatgttttt tccggcaatt tgggaattct 720
gtagtctgtg ctgactacct cacacttcgc aagggttca tcatgaatca tcatctcccc 780
ttgacttatg atttccacag ttacatgatt cgctccatgg aagaagaatt ccaaaggata 840
gttggcgtga gtggtccgtt gtggggattt gtcgttgctt tcatgctgtt taatgtaaaa 900
ggctctaate tgtatctctg gatagcaagc gttcctattg ctcttgttct tttagtgggc 960
acgaagctgc aacatgtaat tgcaacattg gcattggaaa gtgctggtat aactggttca 1020
ttttcggtt caaagctaaa gccaaagat gatcttttct ggtttaagaa gcctgaactc 1080
cttttgtcct taatccactt tatccttttc cagaatgcat ttgagttggc atcattcttc 1140
tggttctggt ggcaattcgg atataattct tgctttatca ggaatcatat gcttgtctat 1200
gcaagacttg ttttgggatt cgctgggcag ttcctttgca gctacagcac cttgcccttg 1260
tatgctttgg ttactcagat gggaacaaac tataaagctg cattaattcc acaaagaata 1320
agggaaacaa lccalggalg ggggaaggca gclagaagga aaagaaggcl ccgcalglll 1380
gcagatgaca ccacgattca cactgaaaca agcacgggta tgtcacttga ggatgatgac 1440
cgtaggctta ttgatgatat ttctgaaact actgccgact acacgtcaat cgaactacag 1500
ccgacttctg tacacgatga acctgactct gttcctaattg aacgaccaag cagagctaga 1560
acgcctcttc tacaaccctc cacatctctt tctgcatcag ttgatcataa gtttgaggta 1620
gaaaacttta tgaggagctt ttctatgcca gtaaaaagat ag 1662
```

<210> 16

<211> 553

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..553

<223> /tipo_mol="proteina" /nota="proetin CsKIP7" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 16

ES 2 698 002 T3

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

ES 2 698 002 T3

Thr Leu Pro Leu Tyr Ala Leu Val Thr Gln Met Gly Thr Asn Tyr Lys
 420 425 430
 Ala Ala Leu Ile Pro Gln Arg Ile Arg Glu Thr Ile His Gly Trp Gly
 435 440 445
 Lys Ala Ala Arg Arg Lys Arg Arg Leu Arg Met Phe Ala Asp Asp Thr
 450 455 460
 Thr Ile His Thr Glu Thr Ser Thr Val Met Ser Leu Glu Asp Asp Asp
 465 470 475 480
 Arg Arg Leu Ile Asp Asp Ile Ser Glu Thr Thr Ala Asp Tyr Thr Ser
 485 490 495
 Ile Glu Leu Gln Pro Thr Ser Val His Asp Glu Pro Asp Ser Val Pro
 500 505 510
 Asn Glu Arg Pro Ser Arg Ala Arg Thr Pro Leu Leu Gln Pro Ser Thr
 515 520 525
 Ser Leu Ser Ala Ser Val Asp His Lys Phe Glu Val Glu Asn Phe Met
 530 535 540
 Arg Ser Phe Ser Met Pro Val Lys Arg
 545 550

<210> 17

<211> 1587

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1587

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP8" /organismo="Cucumis sativus"

10

<400> 17

atggaagaag aaggacgatc cttggccggt acccccactt gggcttttgc cacagtggtc	60
actctcatgg tttctcttgg attcttcttc caaggcacgt tgaaacggac caaaaagtgg	120
ttgaatagga cgaaragaaa atcgttactt gctgcgttgg agaagattaa agaagagctg	180
atgctctttg gacttctttc gttgttgatg ggtcactgga ttgtttttgt tgcaagaatt	240
tgtgtcaagt catctgtcct gagcagccgt ttctatcctt gtgcgttgga gactgatctg	300
aaacgagtta gacatatttt cattgcaact caaagcttga acagttctgt tccaagggag	360
cacaataacg atgggatacg agagtattgt cctgagggtc gtgaatcggt tgcttcatat	420
gaaagttag agcagcttca tcgactaata ttcgttctcg gtgtcaccca tgtttcatat	480
agcttcattg ccattgccct ggctatgatt aagatatatg gctggaggac gtgggaaaat	540
gaggctaagg ctttggccat tcgaaacgcc gaagaagaat ctgcacaagc accatcaact	600
ggaccaaaca taaggcgact atcaactttt atctttcacc atacttctca tccatggagt	660
cagcatagag tccttgtttg gctgctctgt ttcagccgcc agttttggag ttctattaat	720
cgagctgatt acatggcttt gcggttgga tttatcagta ctcatgaact tcctatatcg	780
tatgacttcc acaattatat gcttcgaagc atggatgatg aatttcgtga tatggttggt	840

ES 2 698 002 T3

```

ataagtgtac cactctggat atatgccatt gcttgcattc tcctcaactt ccatggaagc      900
aacattttaca tttggctttc ctttgtccct gcaattgtgg taaagctagc tgtagaagtt      960
gtggattcat cccaagggg atattattgt ttttaactga gagatgagct gttttggttt     1020
gggaagccta agcttctttt atggttgata caatttatat ccttccagaa tgcttttgag     1080
atggctacat tcatttggtc cctgtttcag tgggaaatta aggagccttc ttgtttcatg     1140
gataacgaaa cctatgttgg tatccgcttg gcgtttgggg ttatcactca attttggtgt     1200
agcttcatca cattcccact ctatgttata gtaactcaga tgggggtcaa agtcaagaaa     1260
tcacttgtgt cggagaatgt tcgaaactca cttcatcaat ggaaaagaag agtgaaggca     1320
aggccagggtg cttcttcaac ggttacactt gcgggtgcaa catcactttc atcctctggt     1380
tttacaatgg atgatgaggg tgaagtgacc gacgacttta ccacgaactg ctcggaagga     1440
agcacatcaa atgctgctca atgcacacat ttccccagc taattcagcc agttttgtca     1500
gatgacacgg aagtagaaat atctgttagt tctaattctc cacacattag ttccaacgac     1560
agaagtgaag gcaatgggga tggttga                                         1587

```

<210> 18

<211> 528

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..528

<223> /tipo_mol="proteina" /nota="CsKIP8" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 18

```

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

```

ES 2 698 002 T3

Ser Phe Ile Ala Ile Ala Leu Ala Met Ile Lys Ile Tyr Gly Trp Arg
165 170 175
Thr Trp Glu Asn Glu Ala Lys Ala Leu Ala Ile Arg Asn Ala Glu Glu
180 185 190
Glu Ser Ala Gln Ala Pro Ser Thr Gly Pro Asn Ile Arg Arg Leu Ser
195 200 205
Thr Phe Ile Phe His His Thr Ser His Pro Trp Ser Gln His Arg Val
210 215 220
Leu Val Trp Leu Leu Cys Phe Ser Arg Gln Phe Trp Ser Ser Ile Asn
225 230 235 240
Arg Ala Asp Tyr Met Ala Leu Arg Leu Gly Phe Ile Ser Thr His Glu
245 250 255
Leu Pro Ile Ser Tyr Asp Phe His Asn Tyr Met Leu Arg Ser Met Asp
260 265 270
Asp Glu Phe Arg Asp Met Val Gly Ile Ser Val Pro Leu Trp Ile Tyr
275 280 285
Ala Ile Ala Cys Ile Phe Leu Asn Phe His Gly Ser Asn Ile Tyr Ile
290 295 300
Trp Leu Ser Phe Val Pro Ala Ile Val Val Lys Leu Ala Val Glu Val
305 310 315 320
Val Asp Ser Ser Pro Arg Gly Tyr Tyr Cys Phe Asn Leu Arg Asp Glu
325 330 335
Leu Phe Trp Phe Gly Lys Pro Lys Leu Leu Leu Trp Leu Ile Gln Phe
340 345 350
Ile Ser Phe Gln Asn Ala Phe Glu Met Ala Thr Phe Ile Trp Ser Leu
355 360 365
Phe Gln Trp Glu Ile Lys Glu Pro Ser Cys Phe Met Asp Asn Glu Thr
370 375 380
Tyr Val Gly Ile Arg Leu Ala Phe Gly Val Ile Thr Gln Phe Trp Cys
385 390 395 400
Ser Phe Ile Thr Phe Pro Leu Tyr Val Ile Val Thr Gln Met Gly Ser
405 410 415
Lys Val Lys Lys Ser Leu Val Ser Glu Asn Val Arg Asn Ser Leu His
420 425 430
Gln Trp Lys Arg Arg Val Lys Ala Arg Pro Gly Ala Ser Ser Thr Val
435 440 445
Thr Leu Ala Gly Ala Thr Ser Leu Ser Ser Ser Val Phe Thr Met Asp
450 455 460
Asp Glu Gly Glu Val Thr Asp Asp Phe Thr Thr Asn Cys Ser Glu Gly
465 470 475 480
Ser Thr Ser Asn Ala Ala Gln Cys Thr His Phe Pro Gln Leu Ile Gln
485 490 495
Pro Val Leu Ser Asp Asp Thr Glu Val Glu Ile Ser Val Ser Ser Asn
500 505 510
Ser Pro His Ile Ser Ser Asn Asp Arg Ser Glu Gly Asn Gly Asp Gly
515 520 525

<210> 19

<211> 1707

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1707

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP10" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 19

ES 2 698 002 T3

```

atggctgaaa atgcctccca ggaggaaga tctctggctc tgacgcctac ttggtctgtt      60
gcttccgtgt tgaccattct cgtcgaggtt tcattgcttg tagaacgctc cattcatagg      120
ctaagctctt ggctgggaaa aactcataga aaacccttat ttgaggcagt ggagaaaatg      180
aaagaagagt taatgctgct tggttttatt tctttgcttc tgacggcaac atcaagtcta      240
atatcaaata tctgcattcc atccaagttt tatgatacat cttttattcc gtgctctcag      300
tcggagattg atgaacaaaa tgcggataat tcttcatctg agaagcgaac gctatttatg      360
gtttctgttt tcccacattt gaataggagg atgctaactg tgaacaaaaa tacatgcaaa      420
gagggtcatg agccctttgt ttcctatgag ggacttgagc aattgcatcg ctttatcttt      480
gtgatggcag ttactcatat ttcttatagt tgcttaacca tgttggtggc aattgtgaag      540
atccacagtt ggagagaatg ggaaaaatgaa gtcacatgg accaccatga tttattcaac      600
gatacaacga aaaaaagat aatgcagaga caatctacct ttgtacaata tcacgcctcc      660
aatcctttaa ccaggaatag ctttcttata tggatgacct gtttcttcag gcaatttggg      720
cgttctgttg ttggttctga ctacctaca cttcgcaaag gcttcatcac gaatcacaac      780
ctctcatcaa aatatgattt ccatagctac atggttcgtt ctatggaaga agaattccag      840
agaatagttg gtgtgagtgg tccgttatgr ggatttgctg tagctttttt gctatttaat      900
gtgaaaggct ccaaccttta cttttggata gcaactattc ctgttactct tgttctttta      960
gtgggcacaa agttacagca tgttattgca actttgacgt tggagaatgc tgggtataacc     1020
ggattctttt ctggagcaaa gctgaggccc cgtgatgac ttttctggtt taagaagcct     1080
gaacttctgt tgtccttgat ccattttgtt cttttccaga atgctttcga attggcttcg     1140
ttcttctggt tctggtggca atctggatgt agttcttgct tcattagcaa tcacttgctt     1200
gtctatgtaa gactaatctt gggttttgct ggacaatttc tttgcagcta tagcacctwr     1260
cccytatacg cactggttac tcagatggga acaaactaca aggctgcctt aattcctcaa     1320
agaataaggg aaacaatcca tgggtggggg aagtcagcta gaaggaagag aaggctccgg     1380
atatttactg atgatgccac aatccacacg gaaacaagca ccgtgatgtc actkgaggac     1440
gatgacaacc aacatgtwga tacacctaaa gctgcaactg gctatgccat aattgagatg     1500
cagccaccta ctgcagcaaa tgtgtccgcc tctgtttcta atgatgcac acgtgcgggt     1560
agaactcccc ttcttcagcc ctctctgtct ctttcattgc cwtggtgctca aaacttcaat     1620
gacggagccc cttaagaag ctcatcaatg ccggtcctaaa ayttcgatgc cgaaaactct     1680
ttaagaagct catctatgcc gagataa                                     1707

```

<210> 20

<211> 568

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..568

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP10" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 20

ES 2 698 002 T3

Met 1	Ala	Glu	Asn	Ala	Ser	Gln	Glu	Gly	Arg	Ser	Leu	Ala	Leu	Thr	Pro
Thr	Trp	Ser	Val	Ala	Ser	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	Val	Ala	Val	Ser	Leu
			20					25					30		
Leu	Val	Glu	Arg	Ser	Ile	His	Arg	Leu	Ser	Ser	Trp	Leu	Gly	Lys	Thr
			35				40					45			
His	Arg	Lys	Pro	Leu	Phe	Glu	Ala	Val	Glu	Lys	Met	Lys	Glu	Glu	Leu
			50			55					60				
Met	Leu	Leu	Gly	Phe	Ile	Ser	Leu	Leu	Leu	Thr	Ala	Thr	Ser	Ser	Leu
65					70					75					80
Ile	Ser	Asn	Ile	Cys	Ile	Pro	Ser	Lys	Phe	Tyr	Asp	Thr	Ser	Phe	Ile
				85					90					95	
Pro	Cys	Ser	Gln	Ser	Glu	Ile	Asp	Glu	Gln	Asn	Ala	Asp	Asn	Ser	Ser
			100					105					110		
Ser	Glu	Lys	Arg	Lys	Leu	Phe	Met	Val	Ser	Val	Phe	Pro	His	Leu	Asn
			115				120					125			
Arg	Arg	Met	Leu	Thr	Val	Asn	Lys	Asn	Thr	Cys	Lys	Glu	Gly	His	Glu
						135					140				
Pro	Phe	Val	Ser	Tyr	Glu	Gly	Leu	Gln	Leu	His	Arg	Phe	Ile	Phe	
145				150					155					160	
Val	Met	Ala	Val	Thr	His	Ile	Ser	Tyr	Ser	Cys	Leu	Thr	Met	Leu	Leu
				165					170				175		
Ala	Ile	Val	Lys	Ile	His	Ser	Trp	Arg	Glu	Trp	Glu	Asn	Glu	Ala	His
			180					185					190		
Met	Asp	His	His	Asp	Leu	Phe	Asn	Asp	Thr	Thr	Lys	Lys	Lys	Ile	Met
			195				200					205			
Gln	Arg	Gln	Ser	Thr	Phe	Val	Gln	Tyr	His	Ala	Ser	Asn	Pro	Leu	Thr
						215					220				
Arg	Asn	Ser	Phe	Leu	Ile	Trp	Met	Thr	Cys	Phe	Phe	Arg	Gln	Phe	Gly
225				230					235					240	
Arg	Ser	Val	Val	Arg	Ser	Asp	Tyr	Leu	Thr	Leu	Arg	Lys	Gly	Phe	Ile
				245					250					255	
Thr	Asn	His	Asn	Leu	Ser	Ser	Lys	Tyr	Asp	Phe	His	Ser	Tyr	Met	Val
			260					265					270		
Arg	Ser	Met	Glu	Glu	Glu	Phe	Gln	Arg	Ile	Val	Gly	Val	Ser	Gly	Pro
			275				280					285			
Leu	Trp	Gly	Phe	Val	Val	Ala	Phe	Leu	Leu	Phe	Asn	Val	Lys	Gly	Ser
						295					300				
Asn	Leu	Tyr	Phe	Trp	Ile	Ala	Thr	Ile	Pro	Val	Thr	Leu	Val	Leu	Leu
305					310					315					320
Val	Gly	Thr	Lys	Leu	Gln	His	Val	Ile	Ala	Thr	Leu	Thr	Leu	Glu	Asn
				325					330					335	
Ala	Gly	Ile	Thr	Gly	Phe	Phe	Ser	Gly	Ala	Lys	Leu	Arg	Pro	Arg	Asp
			340					345					350		
Asp	Leu	Phe	Trp	Phe	Lys	Lys	Pro	Glu	Leu	Leu	Leu	Ser	Leu	Ile	His
			355		</										

ES 2 698 002 T3

Trp Trp Gln Ser Gly Cys Ser Ser Cys Phe Ile Ser Asn His Leu Leu
 385 390 395 400
 Val Tyr Val Arg Leu Ile Leu Gly Phe Ala Gly Gln Phe Leu Cys Ser
 405 410 415
 Tyr Ser Thr Leu Pro Leu Tyr Ala Leu Val Thr Gln Met Gly Thr Asn
 420 425 430
 Tyr Lys Ala Ala Leu Ile Pro Gln Arg Ile Arg Glu Thr Ile His Gly
 435 440 445
 Trp Gly Lys Ser Ala Arg Arg Lys Arg Arg Leu Arg Ile Phe Thr Asp
 450 455 460
 Asp Ala Thr Ile His Thr Glu Thr Ser Thr Val Met Ser Leu Glu Asp
 465 470 475 480
 Asp Asp Asn Gln His Val Asp Thr Pro Lys Ala Ala Thr Gly Tyr Ala
 485 490 495
 Ile Ile Glu Met Gln Pro Pro Thr Ala Ala Asn Val Ser Ala Ser Val
 500 505 510
 Ser Asn Asp Ala Ser Arg Ala Val Arg Thr Pro Leu Leu Gln Pro Ser
 515 520 525
 Leu Ser Leu Ser Leu Pro Val Ala Gln Asn Phe Asn Asp Gly Ala Pro
 530 535 540
 Leu Arg Ser Ser Ser Met Pro Ala Gln Asn Phe Asp Ala Glu Asn Ser
 545 550 555 560
 Leu Arg Ser Ser Ser Met Pro Arg
 565

<210> 21

<211> 1671

<212> ADN

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> fuente

<222> 1..1671

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="cADN CsKIP11" /organismo="Cucumis sativus"

10

<400> 21

atggaacttc aaggaggaag gtcactggct gaaacgccta cctactcggg tgcttctgtg	60
gttactgtca tgggtcttggc cagcttgggtg gtggagcggg caatctatag gtttggaag	120
tgggtgaaga araccaagag aaaggctctg tttgcttctt tggagaarat taaggaagag	180
ctgatgctgc ttggactgat atctttgatg ctggcacaat gtgcaagggtg gatattctgaa	240
atttgtgtga actcgtccct tttcaccagt agattctaca tttgttcaga agaagattat	300
gccaccaatg aacatattct gcttgaaagt tctctattgt ctcataatga aattgtcatt	360
cctcaaagag aattaagtgc tcttccgcac caatgtgggtg agggctcgtga gccttttgtt	420
tcatatgagg gacttgaaca acttcaccgg ttcttggttcg ttcttgggat cactcatggt	480
ctttatagct gtctagctgt tggctctggca atgagtaaga tatacagttg gaggaaatgg	540
gaaagtcaag ttaaattagc tgctgaagat aatttaccag ctaaaagaaa taaggatcatg	600
aggcggcaaa cgacgtttgt tttccatcac acatctcatc catggagcag gagtcgtatt	660

ES 2 698 002 T3

```
ctcatatgga tgctttgttt cctacgtcag ttcaagagtt cgataaagaa atcagactat 720
ttggccctcc gtttgggttt cattacaaag cacaaattac cgatctctta tgatttccac 780
aagtacatgg ttccggagcat ggaagacgag ttccatggaa tccttggaat tagctggccg 840
ctatggggct acgccattct ktgcatcttt gtcaacattc acggttttaa tatctacttt 900
tggttatctt tcataccggc tgctctwggt atgctcgttg ggacaaaact tcaacaygtw 960
gtatcctctt tggtctctga agtwttgga cagagaggtg ggattcaaataaaaaccaaga 1020
gacgatctgt tttgggttg aaagcctgtg attttactmc ggttaataca gctcatcata 1080
tttcagaatg catttgagat ggcgacattt atmtggtcct tgtggggatt taaggaaaga 1140
tcttgcttcg tgaagaacga ctttatgata atcacgaggt tgacttcagg tgttcttgta 1200
cagttttggt gcagctatag cattgtgcca cttaataataa ttgttacaca gatgggatcc 1260
aagtgaaga aagcattggt ggctgagagc gtgagagagt cattgcatag ttggtgcaag 1320
agagtaaagg agaggtccaa acgwgactct gcacattcca tcaactacaag atcagtatgt 1380
tcacttgaat caatggttga tgaacgagat gaaataacca ttgcttccgg tacgttgtca 1440
cggagctcat cttttgagac ctcaaactcag gtgaccgtac aatctactgc ccaactagag 1500
gctattattg agtcttcaag cttaaggagg catgaagaac ttccccccac catggcggat 1560
tttctatcac aatctgcaag agtttctcat gctaattggcc tagaaaataa tgcagagagt 1620
ggcgaagata gcaaggtcga gtcacttttc gacttggtca aaaggacatg a 1671
```

<210> 22

<211> 556

<212> PRT

5 <213> Cucumis sativus

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..556

<223> /tipo_mol="proteína" /nota="proteína CsKIP11" /organismo="Cucumis sativus"

10 <400> 22

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

Glu Glu Asp Tyr Ala Thr Asn Glu His Ile Leu Leu Glu Ser Ser Leu
100 105 110
Leu Ser His Asn Glu Ile Val Ile Pro Gln Arg Glu Leu Ser Ala Leu
115 120 125
Pro His Gln Cys Gly Glu Gly Arg Glu Pro Phe Val Ser Tyr Glu Gly
130 135 140
Leu Glu Gln Leu His Arg Phe Leu Phe Val Leu Gly Ile Thr His Val
145 150 155 160
Leu Tyr Ser Cys Leu Ala Val Gly Leu Ala Met Ser Lys Ile Tyr Ser
165 170 175
Trp Arg Lys Trp Glu Ser Gln Val Lys Leu Ala Ala Glu Asp Asn Leu
180 185 190
Pro Ala Lys Arg Asn Lys Val Met Arg Arg Gln Thr Thr Phe Val Phe
195 200 205
His His Thr Ser His Pro Trp Ser Arg Ser Arg Ile Leu Ile Trp Met
210 215 220
Leu Cys Phe Leu Arg Gln Phe Lys Ser Ser Ile Lys Lys Ser Asp Tyr
225 230 235 240
Leu Ala Leu Arg Leu Gly Phe Ile Thr Lys His Lys Leu Pro Ile Ser
245 250 255
Tyr Asp Phe His Lys Tyr Met Val Arg Ser Met Glu Asp Glu Phe His
260 265 270
Gly Ile Leu Gly Ile Ser Trp Pro Leu Trp Gly Tyr Ala Ile Leu Cys
275 280 285
Ile Phe Val Asn Ile His Gly Leu Asn Ile Tyr Phe Trp Leu Ser Phe
290 295 300
Ile Pro Ala Ala Leu Val Met Leu Val Gly Thr Lys Leu Gln His Val
305 310 315 320
Val Ser Ser Leu Ala Leu Glu Val Leu Glu Gln Arg Gly Gly Ile Gln
325 330 335
Ile Lys Pro Arg Asp Asp Leu Phe Trp Phe Gly Lys Pro Val Ile Leu
340 345 350
Leu Arg Leu Ile Gln Leu Ile Ile Phe Gln Asn Ala Phe Glu Met Ala
355 360 365
Thr Phe Ile Trp Ser Leu Trp Gly Phe Lys Glu Arg Ser Cys Phe Val
370 375 380
Lys Asn Asp Phe Met Ile Ile Thr Arg Leu Thr Ser Gly Val Leu Val
385 390 395 400
Gln Phe Trp Cys Ser Tyr Ser Ile Val Pro Leu Asn Ile Ile Val Thr
405 410 415
Gln Met Gly Ser Lys Cys Lys Lys Ala Leu Val Ala Glu Ser Val Arg
420 425 430
Glu Ser Leu His Ser Trp Cys Lys Arg Val Lys Glu Arg Ser Lys Arg
435 440 445
Asp Ser Ala His Ser Ile Thr Thr Arg Ser Val Cys Ser Leu Glu Ser
450 455 460
Met Val Asp Glu Arg Asp Glu Ile Thr Ile Ala Ser Gly Thr Leu Ser
465 470 475 480
Arg Ser Ser Ser Phe Glu Thr Ser Asn Gln Val Thr Val Gln Ser Thr
485 490 495
Ala Gln Leu Glu Ala Ile Ile Glu Ser Ser Ser Leu Arg Arg His Glu
500 505 510
Glu Leu Pro Pro Thr Met Ala Asp Phe Leu Ser Gln Ser Ala Arg Val
515 520 525
Ser His Ala Asn Gly Leu Glu Asn Asn Ala Glu Ser Gly Glu Asp Ser
530 535 540
Lys Val Glu Ser Leu Phe Asp Leu Phe Lys Arg Thr
545 550 555

<210> 23

<211> 20

<212> ADN

5 <213> secuencias artificiales

<220>

<221> fuente

<222> 1.20

<223> /tipo_mol="ADN" /nota="primer ID1" /organismo="secuencias artificiales"

REIVINDICACIONES

1. Planta de *Cucumis sativus* que comprende en su genoma un gen que confiere resistencia al mildiú pulverulento deteriorado; la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia se muestra en la SEQ ID N° 2; donde:

5 - dicho deterioro es una o más mutaciones en dicho gen que resulta en la ausencia de un producto de expresión de proteína; o

- dicho deterioro es una o más mutaciones en dicho gen que resulta en un producto de expresión de proteínas no funcional; y

10 en el que dicha deficiencia proporciona resistencia al mildiú pulverulento y dicha planta de *Cucumis sativus* no se obtiene exclusivamente por un proceso esencialmente biológico.

2. Semillas, partes de planta o material de propagación de una planta de acuerdo con la reivindicación 1, que comprende en su genoma un gen que confiere resistencia al mildiú pulverulento deteriorado; la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia se muestra en la SEQ ID N° 2; donde

15 - dicho deterioro es una o más mutaciones en dicho gen que resulta en la ausencia de un producto de expresión de proteína; o

- dicho deterioro es una o más mutaciones en dicho gen que resulta en un producto de expresión de proteínas no funcional; y

en el que dicho deterioro proporciona resistencia al mildiú pulverulento.

FIGURA 1

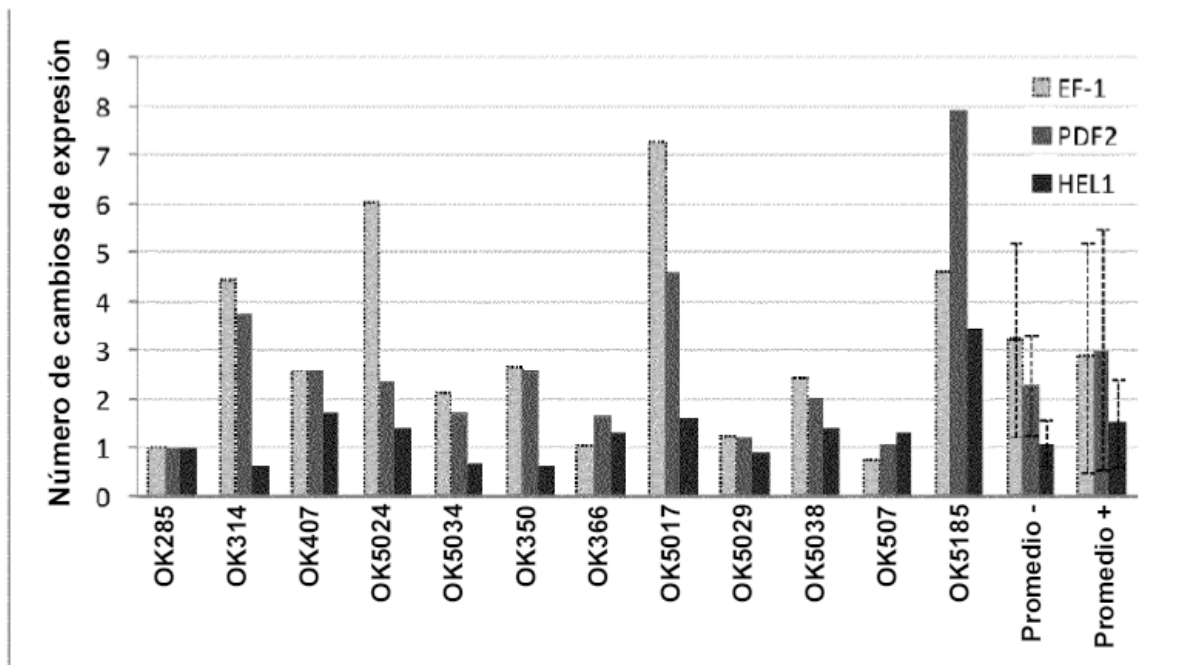


FIGURA 2

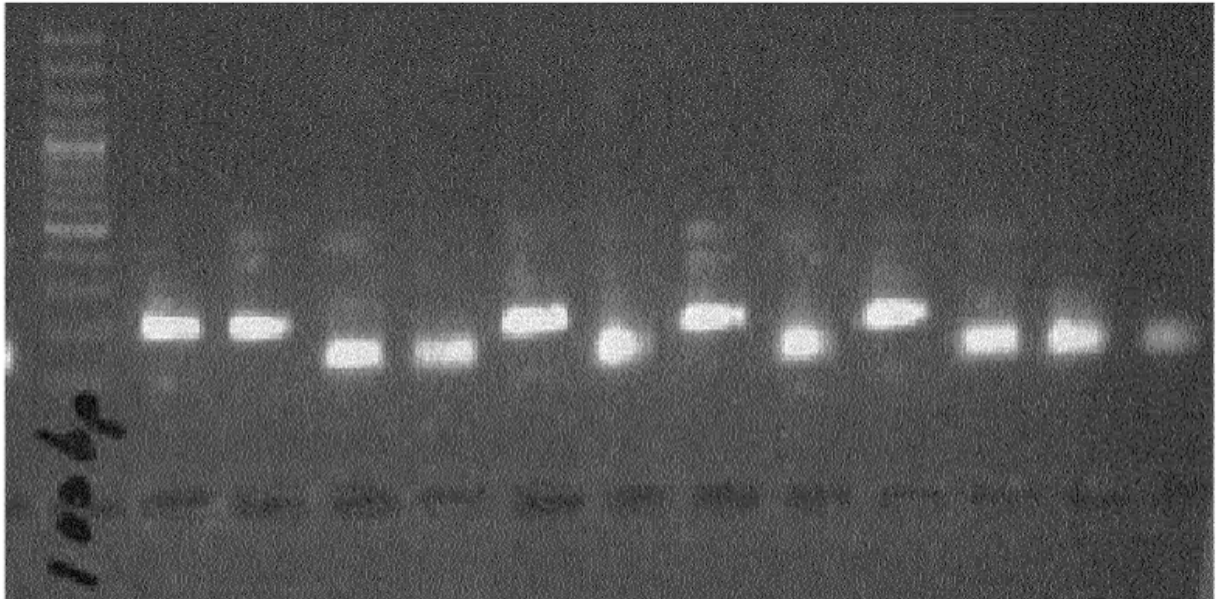


FIGURA 3

```

1  CCCGCAATGTGGCTATTTGCTGTTCTCTTCATCCTAACCAATACAAATGGGTGGTATTCATATC 64
   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   CCCGCAATGTGGCTATTTGCTGTTCTCTTCATCCTAACCAATACAAATGGGTGGTATTCATATC

65 TATGGCTGCCTTTCATCTCCTTAATTATAATTCTATTGGTGGGAACAAAGCTCCATGTTATTAA 128
   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   TATGGCTGCCTTTCATCTCCTTAATTATAATTCTATTGG-----

129 AACTCATATGGGATTGACAAATCAAGAAAGGGGTCATGTTGTGAAGGGTGTTCGGGTCGTTTAC 192
      ||||||||||||||||
      -----GTGTTCGGGTCGTTTAC

193 GCTCGGG 199
     |||||
     CCTCGGG

```

FIGURA 4

CsMio90K561	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	55
CsMio90K537	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	55
CsMio90K619	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	70
CsMio90K123	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	55
CsMio90K563	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	55
Consenso	M	-----	-----	AGGG	AGRSLEETPT	WAVAAYCFVL	VLSTIIIEH	LHLIGKWLKK	KHKRALYEAL	
CsMio90K561	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			125
CsMio90K537	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			125
CsMio90K619	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			140
CsMio90K123	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			76
CsMio90K563	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			125
Consenso	EKIKSELMLL	GFISLLLTVG	QSLITNVCIP	PDVAATWHPC	SPQREEETK	EADLVDSQDN	RRKLALSHH			
CsMio90K561	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			195
CsMio90K537	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			195
CsMio90K619	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			210
CsMio90K123	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			76
CsMio90K563	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			195
Consenso	VNATFRRSLA	AAGGTDKCAA	KGKVPFVSEG	GIHQLHIFIF	VLAVFHLYC	VLTALGNNAK	MRSWKSWEKE			
CsMio90K561	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			265
CsMio90K537	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			265
CsMio90K619	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			280
CsMio90K123	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			76
CsMio90K563	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			265
Consenso	TRTVEYQFSH	DPERFRFARD	TSFGRRLHSF	WTKSPFLIWI	VCFFRQFVRS	VPKVDYLTLR	HGFVMAHLAP			
CsMio90K561	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			335
CsMio90K537	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			335
CsMio90K619	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			350
CsMio90K123	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			103
CsMio90K563	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			335
Consenso	HSDQKDFDQK	YIKRSLSEEDF	KVVVSISPPPI	WFFAVLFLLF	NTHGWRAFLW	LPFVPLIIVL	LVGTKLOVLI			
CsMio90K561	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			405
CsMio90K537	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			405
CsMio90K619	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			420
CsMio90K123	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			173
CsMio90K563	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			405
Consenso	TKMALRIQER	GEVYKGVPPV	EPGDDLEWEN	RPRLILYLIN	FVLFQNAFQL	AFFAWTWKEF	GMKSCFHEHT			
CsMio90K561	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			475
CsMio90K537	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			475
CsMio90K619	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			490
CsMio90K123	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			243
CsMio90K563	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			475
Consenso	EDLVIRITMG	VLVQILCSYV	TLPLYALVTQ	NGSTMKPTIF	NERVATALRN	WHHTARKHIK	QNRGSMTPMS			
CsMio90K561	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			545
CsMio90K537	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			545
CsMio90K619	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			560
CsMio90K123	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			313
CsMio90K563	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			545
Consenso	SRPATPSHHL	SPVHLRHHYR	SELDVHTSP	RRSNFDTQW	DPDPSPPSPS	HHFHRPHPG	DGSI SNHHRD			
CsMio90K561	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					594
CsMio90K537	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					594
CsMio90K619	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					609
CsMio90K123	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					362
CsMio90K563	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					594
Consenso	VEAGDLDDV	ESQPQDRTTQ	SINPTNIEHH	EIDVGSNEFS	FORRVDRV*					