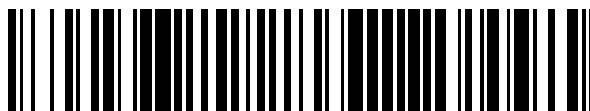


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 700 377**

51 Int. Cl.:

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: **15.10.2015 PCT/EP2015/073931**

87 Fecha y número de publicación internacional: **28.04.2016 WO16062615**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **15.10.2015 E 15780904 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **29.08.2018 EP 3209782**

54 Título: **Promotor recombinante con expresión incrementada específica de fibras**

30 Prioridad:

21.10.2014 EP 14189642

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

15.02.2019

73 Titular/es:

BAYER CROPSCIENCE NV (100.0%)

J.E. Mommaertsiaan 14

1831 Diegem, BE

72 Inventor/es:

MEULEWAETER, FRANK

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

ES 2 700 377 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

Promotor recombinante con expresión incrementada específica de fibras

Campo de la invención

5 La invención se refiere a biología molecular vegetal y agronomía. Los materiales y métodos se describen para expresar un gen de interés, preferente o selectivamente en fibras de plantas, tales como plantas de algodón. En particular, la invención proporciona nuevos promotores recombinantes o quiméricos, regiones promotoras y casetes de expresión con selectividad de fibras potenciada, que pueden utilizarse para lograr la expresión preferente de fibras o selectiva de fibras en plantas de algodón.

Antecedentes

10 La fibra de algodón es el textil más importante en todo el mundo. Aproximadamente 80 millones de acres de algodón se cosechan anualmente en todo el mundo. El algodón es la quinta cosecha más grande en los Estados Unidos en términos de producción de superficie cultivada, con un promedio de 10,3 millones de acres sembrados en los años 2006 a 2008. Alrededor del 90% del algodón cultivado en todo el mundo es *Gossypium hirsutum* L., mientras que *Gossypium*
15 *batbadense* representa aproximadamente el 8%. Por consiguiente, la modificación de las características de la fibra de algodón para adaptarse mejor a los requisitos de la industria y del consumidor es un esfuerzo importante en la reproducción mediante métodos clásicos o mediante la alteración genética del genoma de las plantas de algodón. Los objetivos que deben alcanzarse incluyen una longitud incrementada de la fibra de pelusa, resistencia, capacidad de tinción, relación de madurez de la fibra, uniformidad de la fibra, menor producción de fibra vellosa, contenido de fibra inmadura y micronaire.

20 El desarrollo de las fibras de algodón es un proceso multi-etapa bajo la regulación de un amplio número de genes, muchos de los cuales están regulados al alza o altamente expresados en células de fibras en desarrollo (Li, C.H. et al. 2002, Plant Sci 163: 1113-1120; Ruan et al. 2003, Plant Cell 15:952-964; Wang et al. 2004, Plant Cell 16:2323-2334; Li et al. 2005, Plant Cell 17:859-875; Luo et al. 2007, Plant Journal 51:419-430).

25 Cada una de las fibras de algodón es una célula epidérmica individual diferenciada que se inicia desde la epidermis del integumento externo del óvulo. Aproximadamente medio millón de fibras se producen por cápsula de algodón, algunas forman vellosidades y otras forman pelusa. La diferenciación de una célula epidérmica en una fibra requiere un cambio en el destino de la célula, que es un proceso biológico fundamental que implica "interruptores" genéticos, fisiológicos y de desarrollo. Sin embargo, solo ~25-30% de las células epidérmicas se diferencian en las fibras de pelusa comercialmente importantes. La mayoría de las células no se diferencian en fibras ni se convierten en fibras
30 cortas o vellosidades. Las mutaciones genéticas, la poliploidía, la polinización/fertilización y la regulación hormonal pueden afectar al número de células que se convierten en fibras o pueden alterar las propiedades de las células de la fibra (vellosidad frente a pelusa).

El desarrollo de las fibras de algodón comienza el día de la antesis (floración) y se divide en cuatro fases distintas, pero solapantes: iniciación de la célula de la fibra que comienza inmediatamente después de la antesis y dura hasta
35 3 días post-antesis (DPA), alargamiento (3 hasta 20 DPA), biosíntesis de la pared secundaria (15-35 DPA) y maduración (45-60 DPA) (Basra y Malik 1984, Int Rev of Cytology 89: 65-113; Graves y Stewart, 1988, J. Exp. Bot 39 (1): 59-69; Ramsey y Berlín, 1976, American Journal of Botany 63(6): 868-876; Ruan y Chourey, 1998, Plant Physiology 118:399-406; Ruan et al. 2000, Aust J. Plant Physiol. 27:795-800; Stewart, 1975, Am. J. Bot. 62, 723-730). Las primeras tres etapas se producen mientras la célula de la fibra está viva y crece activamente, mientras que la maduración se produce después de abrir la cápsula que contiene las fibras esponjosas blancas y describe el secado de las fibras maduras.

45 Estas fases de desarrollo están reguladas por la expresión ordenada de una multiplicidad de genes en la célula de la fibra, una proporción de la cual es específica para la fibra y, por lo tanto, se piensa que juega un papel principal durante el desarrollo de la fibra. Los promotores de genes específicos para la fibra pueden regular la función génica al restringir la transcripción a la célula de fibra (Delaney et al. 2007, Plant Cell Physiol. 48(10): 1426-1437).

Se han descrito diversos promotores que controlan o regulan la expresión de tales genes preferentes de fibras o específicos para fibras y también se han explotado para modificar genéticamente las características de la fibra.

50 E6 fue el primer gen de fibra de algodón identificado, y el promotor E6 se ha utilizado para mejorar la calidad de la fibra de algodón (John y Keller 1996, PNAS 93: 12678-12773). GhRDL1, un gen altamente expresado en células de fibras de algodón en la etapa de alargamiento, codifica una proteína que contiene el dominio BURP (Li, C.H. et al. 2002, ibid.), y el promotor GaRDL1 exhibió una actividad específica de tricomas en plantas de Arabidopsis

5 transgénicas (Wang et al. 2004, *ibid.*). Los transcritos de GhTUB1 se acumulan preferentemente a altos niveles en la fibra, por consiguiente, el gen de fusión pGhTUB1::GUS se expresó en un alto nivel en fibra, pero a niveles mucho más bajos en otros tejidos (Li, X.B. et al. 2002, *Plant Physiol.* 130(2): 666-74). Promotores de tres genes de la proteína de transferencia de lípidos de algodón, LTP3, LTP6 y FSltp4, eran capaces de dirigir la expresión del gen GUS en tricomas secretores glandulares (GSTs) de la hoja y el tallo en plantas de tabaco transgénicas (Hsu et al. 1999, *Plant Science* 143: 63-70; Liu et al. 2000, *ibid.*; Delaney et al. 2007, *Plant and Cell Physiol.* 48: 1426-1437).

10 Se ha demostrado que el factor de transcripción R2R3 MYB del algodón GaMYB2 es un homólogo funcional de GLABRA1 (GL1) de Arabidopsis, un regulador clave de la formación del tricoma de Arabidopsis. GaMYB2 se expresa en células de fibras de algodón en las primeras fases de desarrollo (Wang, S. et al., 2004, *ibid.*). Su promotor impulsa la expresión específica para tricomas también en Arabidopsis y la expresión específica de cabeza GST en tabaco (Shangguan et al. 2008, *J Exp Botany* 59(13): 3533-3542).

La patente de EE.UU. 7.626.081 describe un promotor específico para semillas de algodón encontrado en el gen de la globulina alfa. El promotor Gh-sp se deriva de un gen de proteína de semilla y solo está activo en la maduración de semillas de algodón (Song et al. 2000, *Journal Cotton Science* 4: 217-223).

15 La solicitud de patente de EE.UU. 2003/0106089 describe un gen expresado de una manera específica para la fibra y su promotor que es activo particularmente en el desarrollo muy temprano de la fibra.

La patente de EE.UU. 6.211.430, la solicitud de patente de EE.UU. 2013/0081154, la solicitud de patente EP N° 13189991 y los documentos US 6.096.950 y WO 96/40924 describen promotores derivados de miembros de una familia multigénica en el algodón, todos los cuales dirigen la expresión durante el desarrollo de la fibra.

20 A pesar del hecho de que muchos promotores conocidos por impulsar la expresión preferente de la semilla o preferente de la fibra en plantas de algodón están disponibles en la técnica, estos promotores pueden impulsar la expresión de genes asociados de interés en tejidos de algodón que no sean las células de las fibras (iniciación), resultando en potencia en la citotoxicidad y baja eficiencia de transformación. Por lo tanto, sigue existiendo la necesidad de promotores preferentes de fibras o selectivos de fibras con la capacidad de controlar la transcripción en células de fibra en desarrollo, preferiblemente de una manera más selectiva. Estos y otros problemas se resuelven como se describe a continuación en el sumario, realizaciones detalladas, ejemplos, dibujos y reivindicaciones.

Sumario de la invención

En una primera realización, se proporciona una molécula de ADN recombinante, que comprende en orden:

- 30 a. una molécula de ADN que comprende una región de especificidad de fibra de un promotor del gen de proteína de transferencia de lípidos de algodón, tal como una región de especificidad de fibra que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 4, operativamente enlazada a
- 35 b. una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 500 nucleótidos consecutivos del extremo 3' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2, en donde esa secuencia de nucleótidos puede seleccionarse del siguiente grupo: la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 2 desde el nucleótido en la posición 427 hasta el nucleótido en la posición 922, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 5 desde el nucleótido en la posición 911 hasta el nucleótido en la
- 40 posición 1405, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 6 desde el nucleótido en la posición 3638 hasta el nucleótido en la posición 4132, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 7 desde el nucleótido en la posición 1781 hasta el nucleótido en la posición 2276.

En una realización adicional, la molécula de ADN recombinante comprende una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 400 nucleótidos consecutivos del extremo 5' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2 que precede a la molécula de ADN que comprende la región de especificidad de fibra, en donde la molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 400 nucleótidos consecutivos del extremo 5' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2 se puede seleccionar de la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 5 desde el nucleótido en la posición 61 hasta el nucleótido en la posición 475, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 6 desde el nucleótido en la posición 2787 hasta el nucleótido en la posición 3202, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 7 desde el nucleótido en la posición 1047 hasta el nucleótido en la posición 1464.

En aún otra realización, la molécula de ADN recombinante comprende una secuencia de nucleótidos que tiene aproximadamente 90% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 1 desde el nucleótido en la posición 1 hasta el nucleótido en la posición 1053.

5 Las moléculas de ADN recombinante aquí descritas anteriormente son promotoras o regiones promotoras que fomentan la expresión selectiva de la fibra de una región codificante operativamente enlazada a la misma, en donde la expresión selectiva de la fibra puede incrementarse en comparación con un promotor FB8-like2.

También es un objeto de la invención proporcionar genes quiméricos o moléculas de ADN recombinante que comprenden las siguientes regiones de ADN enlazadas operativamente:

- 10
- a. un promotor o una región promotora que comprende una molécula de ADN recombinante tal como se describe anteriormente en esta memoria;
 - b. un ADN que codifica una molécula de ARN biológicamente activa; y, opcionalmente,
 - c. una región de terminación de la transcripción o una región de terminación de la transcripción y de poliadenilación.

15 La invención también proporciona células vegetales de algodón, plantas de algodón o fibras de algodón que comprenden una molécula de ADN recombinante que tiene actividad promotora selectiva de fibra o un gen quimérico como se describe en esta memoria.

20 En aún otra realización, se proporciona un método para producir una célula de planta de algodón o planta transgénica, que comprende la etapa de proporcionar una célula de una planta de algodón con una molécula de ADN recombinante tal como se describe en esta memoria y opcionalmente regenerar una planta de algodón a partir de dicha célula de planta de algodón.

La invención proporciona, además, un método para aumentar la selectividad de la expresión de un ARN biológicamente activo en células de fibra de una planta de algodón, que comprende proporcionar células de dicha planta de algodón con un gen quimérico que comprende un promotor selectivo de fibra recombinante tal como se describe en esta memoria.

25 Aún otro objeto de la invención es proporcionar el uso de un promotor específico para fibras recombinante tal como se describe en esta memoria para expresar un ARN biológicamente activo selectivamente en células de fibras de una planta de algodón.

Breve descripción de los dibujos

30 Figura 1: Secuencia de nucleótidos de la región promotora recombinante FB8-like2_FSR. La secuencia de nucleótidos en fuente normal corresponde a la secuencia de nucleótidos de la región promotora selectiva para fibras FB8-like2. Los nucleótidos indicados en negrita corresponden a una porción del promotor específico para fibras de un gen de proteína de transferencia de lípidos de algodón (FDSLtp4; Delaney et al. 2007, Plant and Cell Physiol. 48: 1426-1437) que comprende una región de especificidad para fibras de 84 pb rica en AT (FSR), indicada en negrita, fuente cursiva que está subrayada. La secuencia de nucleótidos corresponde a SEQ ID N° 1.

35 Figura 2: Comparación de las secuencias de nucleótidos de la región promotora FB8-like2 (SEQ ID N° 2) y la región promotora recombinante FB8like2_FSR (SEQ ID N° 1).

40 Figura 3: Comparación de las secuencias de nucleótidos de la región promotora específica para fibras de Fb1ate (4-4) descrita en la solicitud de patente WO96/40924 y representada en el listado de secuencias como SEQ ID N° 6; la región promotora específica para fibra de Fb1ate2, descrita en la patente US 6 211 430 y representada en el listado de secuencias como SEQ ID N° 7; la región promotora específica para fibras FB8-like1, descrita en la solicitud de patente 2013/0081154 y representada en la listado de secuencias como SEQ ID N° 5; y la región promotora específica para fibras FB8-like2, descrita en la solicitud de patente EP13189991 y representada en el listado de secuencias como SEQ ID N° 2.

Descripción detallada

45 El listado de secuencias comprende las secuencias 1 a 8 y se creó el 26 de septiembre de 2014.

Tal como se utiliza en esta memoria, la expresión "que comprende" se debe interpretar como que especifica la presencia de las características, números enteros, etapas o componentes establecidos, pero no excluye la presencia o adición de una o más características, números enteros, etapas o componentes, o grupos de los mismos. Así, p. ej.,

un ácido nucleico que comprende una secuencia de nucleótidos puede comprender más nucleótidos que los citados realmente, es decir, puede estar incrustado en un ácido nucleico más grande. Un gen quimérico, tal como se describirá más adelante, que comprende un ácido nucleico que se define funcional o estructuralmente puede comprender ácidos nucleicos adicionales, etc. Sin embargo, en el contexto de la presente divulgación, la expresión "que comprende" también incluye "que consiste en". En otras palabras, la terminología relativa a un ácido nucleico "que comprende" una determinada secuencia de nucleótidos, tal como se utiliza a lo largo del texto, se refiere a un ácido nucleico o proteína que incluye o contiene al menos la secuencia descrita, de modo que otras secuencias de nucleótidos o de aminoácidos pueden incluirse en el extremo 5' (o N-terminal) y/o 3' (o C-terminal), p. ej., (la secuencia de nucleótidos de) una proteína marcadora seleccionable, (la secuencia de nucleótidos de) un péptido de tránsito y/o una secuencia conductora 5' o una secuencia remolque 3'.

La presente invención se basa en el descubrimiento inesperado de que la inclusión de una región de especificidad para la fibra derivada del promotor del gen de algodón que codifica la proteína de transferencia de lípidos de algodón Fsltp4, en el promotor del gen FB8like2 (SEQ ID N° 2), que impulsa la expresión de una manera selectiva para la fibra, aumenta la expresión selectiva para la fibra del promotor recombinante. Esto se puede observar, en particular, comparando las frecuencias de transformación obtenidas con un vector que comprende un gen de quitina-sintasa y una glutamina:fructosa-6-fosfato amidotransferasa bajo el control de dicho promotor recombinante, con las frecuencias de transformación obtenidas con un vector que comprende el mismo gen, pero bajo el control del promotor del gen FB8 like2.

En un aspecto, la presente solicitud describe una molécula de ADN recombinante que comprende, en orden, una molécula de ADN que comprende una región de especificidad para la fibra de un promotor del gen de la proteína de transferencia de lípidos de algodón, operativamente enlazada a una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 500 nucleótidos consecutivos del extremo 3' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2.

En otro aspecto, la molécula de ADN recombinante puede comprender, además, una región de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 400 nucleótidos consecutivos del extremo 5' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2, que precede a la molécula de ADN que comprende la región de especificidad de la fibra.

Tal como se demuestra en la Figura 3, las secuencias de nucleótidos de las regiones promotoras selectivas para fibras del gen FB8-like2, el gen FB8-like1, el gen Fblate (4-4) y el gen Fblate2 comparten un alto grado de identidad de secuencia de nucleótidos (90 % o más) en la región justo aguas arriba del codón de iniciación ATG, entre las posiciones de nucleótidos 427-959 de la región promotora FB8-like2 (SEQ ID 1; correspondiente a las posiciones de nucleótidos 558-1090 en la región promotora recombinante FB8-like2_FSR de SEQ ID N° 2), entre las posiciones de nucleótidos 913-1437 de la región promotora FB8-like1 (SEQ ID N° 5), entre las posiciones de nucleótidos 3640-4164 de la región promotora Fblate (SEQ ID N° 6) o entre las posiciones de nucleótidos 1783-2314 de la región promotora Fblate2 (SEQ ID N° 7), y se espera que estas regiones se puedan intercambiar entre sí.

Por consiguiente, en aún otro aspecto, la región de ADN de la molécula de ADN recombinante que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 500 nucleótidos consecutivos del extremo 3' de la región promotora FB8-like2 de SEQ ID N° 2 puede seleccionarse de la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 1 desde el nucleótido en aproximadamente la posición 558 hasta el nucleótido en la posición 1090, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 2 desde el nucleótido en la posición 427 hasta el nucleótido en aproximadamente la posición 922, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 5 desde el nucleótido en aproximadamente la posición 911 hasta el nucleótido en la posición 1405, la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 6 desde el nucleótido en la posición 3638 hasta el nucleótido en la posición 4132, o la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 7 desde el nucleótido en la posición 1781 hasta la posición del nucleótido 2276.

Tal como se demuestra en la Figura 3, las secuencias de nucleótidos de las regiones promotoras selectivas para fibras del gen FB8-like2, el gen FB8-like1, el gen Fblate (4-4) y el gen Fblate2 comparten un alto grado de identidad de secuencia de nucleótidos (90% o más) en la secuencia de nucleótidos correspondiente a la región 5' del promotor o región promotora FB8-like2 entre las posiciones de nucleótidos 1-428 de la región promotora FB8-like2 (SEQ ID 1; correspondiente a las posiciones de nucleótidos 1-426 en la región promotora recombinante FB8-like2_FSR de SEQ ID N° 2), entre las posiciones de nucleótidos 61-475 de la región promotora FB8-like1 (SEQ ID N° 5), entre las posiciones de nucleótidos 2787-3202 de la región promotora Fblate (SEQ ID N° 6) o entre las posiciones de nucleótidos 1047-1464 de la región promotora Fblate2 (SEQ ID N° 7), y se espera que también estas regiones se puedan intercambiar entre sí.

La región de especificidad de la fibra del promotor del gen FTLSp4 de algodón es una región rica en AT que interactúa con el factor de transcripción GhAT1 de AT-Hook. Las regiones de especificidad para fibras adecuadas comprenden una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% o 95% de identidad de secuencia o son idénticas a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 4, tal como la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 3.

- 5 Una realización particular de la invención es la molécula de ADN recombinante que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID No. 1 desde el nucleótido en la posición 1 hasta el nucleótido en la posición 1053.

También se proporciona un ADN promotor selectivo de fibras que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% de identidad de secuencia con o que es idéntico a la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 1 entre la posición de nucleótido 1 y 1053.

- 10 Los ácidos nucleicos aislados de este aspecto se denominan en lo sucesivo "promotor" o "región promotora".

Métodos para evaluar si una secuencia de ácido nucleico como la descrita anteriormente, que en la presente solicitud representa una secuencia promotora, es capaz de inducir la expresión de un gen quimérico en el que está comprendida o, en particular, una secuencia de ácido nucleico enlazada operativamente a esto, de una manera preferente de fibras son conocidos por la persona experta.

- 15 Por ejemplo, se pueden realizar estudios de genes informadores con el fin de evaluar la función que induce la expresión de una secuencia de ácido nucleico. Esto incluye enlazar operativamente la secuencia de ácido nucleico de la invención a un gen informador tal como GUS, introducir la construcción de ácido nucleico resultante en una planta o célula vegetal, tal como en una planta de algodón, y evaluar la inducción de la expresión de dicho gen informador en diferentes tejidos de dicha planta, como también se describirá con mayor detalle más adelante.

- 20 Tal como se utiliza en esta memoria, el término "promotor" designa cualquier secuencia de ácido nucleico, tal como una secuencia de ADN, que se reconoce y se une (directa o indirectamente) por una ARN polimerasa dependiente de ADN durante el inicio de la transcripción, lo que resulta en la generación de una molécula de ARN que es complementaria al ADN transcrito. A esta región también se la pueda aludir como "región reguladora 5' ". Los promotores suelen ubicarse aguas arriba de la región 5' no traducida (UTR) que precede a la secuencia codificante de la proteína que se ha de transcribir y tienen regiones que actúan como sitios de unión para la ARN polimerasa II y otras proteínas, tales como los factores de transcripción, para iniciar la transcripción de una secuencia enlazada operativamente. Los promotores pueden contener sub-elementos (es decir, motivos promotores) tales como cis-elementos o dominios potenciadores que regulan la transcripción de genes enlazados operativamente. El promotor y una UTR 5' conectada también se conocen como "región promotora".

- 30 Los expertos en la técnica pueden determinar la confirmación de una actividad del promotor para una secuencia promotora o un fragmento promotor funcional o región promotora, por ejemplo, utilizando una construcción de promotor-informador que comprende la secuencia promotora enlazada de manera operativa a un marcador fácilmente puntuable tal como se explica adicionalmente en esta memoria. La capacidad de expresión preferente de fibra de los fragmentos o variantes identificados o generados del promotor descrito en esta memoria puede testarse convenientemente mediante el enlace operativo de dichas secuencias de ácido nucleico a una secuencia de nucleótidos que codifica un marcador fácilmente puntuable, p. ej., un gen beta-glucuronidasa, introduciendo un gen quimérico de este tipo en una planta y analizando el patrón de expresión del marcador en las células de fibra en comparación con el patrón de expresión del marcador en otras partes de la planta. Otros candidatos para un marcador (o un gen informador) son cloranfenicol acetil transferasa (CAT), beta-galactosidasa (beta-GAL) y proteínas con propiedades fluorescentes o fosforescentes, tales como la proteína verde fluorescente (GFP) de *Aequora victoria* o luciferasa. Para confirmar la función del promotor, una secuencia de ácido nucleico que representa el promotor está enlazada operativamente a la secuencia codificante de un gen marcador (informador) mediante técnicas de ADN recombinante bien conocidas en la técnica. El gen informador está enlazado de manera operativa aguas abajo del promotor, de modo que las transcripciones que se inician en el promotor proceden a través del gen informador. El casete de expresión que contiene el gen informador bajo el control del promotor puede introducirse en un tipo de célula apropiado mediante técnicas de transformación bien conocidas en la técnica y descritas en otra parte en esta solicitud. Para analizar la proteína informadora, se preparan lisados celulares y se realizan los ensayos apropiados, que son bien conocidos en la técnica, para la proteína informadora. Por ejemplo, si la CAT fuera el gen informador de elección, los lisados de células transfectadas con construcciones que contienen CAT bajo el control de un promotor en estudio se mezclan con cloranfenicol isotópicamente marcado y acetil-coenzima A (acetil-CoA). La enzima CAT transfiere el grupo acetilo de acetil-CoA a la posición 2 o 3 del cloranfenicol. La reacción se monitoriza mediante cromatografía en capa fina, que separa el cloranfenicol acetilado del material que no ha reaccionado. Los productos de reacción se visualizan entonces mediante autorradiografía. El nivel de actividad de la enzima corresponde a la cantidad de enzima que se hizo, la cual, a su vez, revela el nivel de expresión y la funcionalidad preferencial de la fibra del promotor o fragmento o variante del mismo. Este nivel de

expresión también puede compararse con otros promotores para determinar la fuerza relativa del promotor en estudio. Una vez que se confirma la actividad y la funcionalidad, se pueden emplear análisis de mutación y/o deleción adicionales para determinar, p. ej., una región promotora mínima y/o secuencias requeridas para iniciar la transcripción. Por lo tanto, las secuencias pueden eliminarse en el extremo 5' de la región promotora y/o en el extremo 3' de la región promotora, o dentro de la secuencia promotora y/o pueden introducirse sustituciones de nucleótidos. Estas construcciones se introducen nuevamente en las células y se determina su actividad y/o funcionalidad.

En lugar de medir la actividad de una enzima informadora, la actividad (y funcionalidad) del promotor de la transcripción también se puede determinar midiendo el nivel de ARN que se produce. Este nivel de ARN, tal como ARNm, se puede medir en un solo tiempo o en múltiples tiempos y, como tal, el aumento múltiple puede ser un aumento múltiple promedio o un valor extrapolado derivado de valores medidos experimentalmente. Como es una comparación de niveles, se puede utilizar cualquier método que mida los niveles de ARNm. En un ejemplo, el tejido u órganos comparados son una semilla o tejido de semilla tal como fibras con una hoja o tejido de hoja. En otro ejemplo, se comparan múltiples tejidos u órganos. Un ejemplo de comparaciones múltiples son las células de fibra en comparación con 2, 3, 4 o más tejidos u órganos seleccionados del grupo que consiste en tejido floral, ápice floral, polen, hoja, embrión, brote, primordios de la hoja, ápice del brote, raíz, punta de la raíz, tejido vascular y cotiledón. Tal como se utiliza en esta memoria, ejemplos de órganos de plantas son semilla, hoja, raíz, etc., y ejemplos de tejidos son primordios de la hoja, vértice del brote, tejido vascular, etc. La actividad o fuerza de un promotor puede medirse en términos de la cantidad de ARNm o la acumulación de proteínas que produce específicamente, con relación a la cantidad total de ARNm o proteína. El promotor expresa una secuencia de ácido nucleico enlazada operativamente, por ejemplo, a un nivel superior a aproximadamente 0,1%, aproximadamente 0,2%, superior a aproximadamente 0,5, 0,6, 0,7, 0,8 o aproximadamente 0,9%, superior a aproximadamente 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 7%, 8% o aproximadamente 9%, superior a aproximadamente 10% del ARNm total de la célula en la que está contenido. Alternativamente, la actividad o fuerza de un promotor se puede expresar con relación a un promotor bien caracterizado para el cual se evaluó previamente la actividad transcripcional.

Tal como se utiliza en esta memoria, la expresión "porcentaje de identidad de la secuencia" se refiere al porcentaje de nucleótidos idénticos entre dos segmentos de una ventana de ADN óptimamente alineada. El alineamiento óptimo de secuencias para alinear una ventana de comparación es bien conocido por los expertos en la técnica y puede realizarse mediante herramientas tales como el algoritmo de homología local de Smith y Waterman (Waterman, M. S., Chapman & Hall. Londres, 1995), El algoritmo de alineamiento de homología de Needleman y Wunsch (1970), el método de búsqueda de similitud de Pearson y Lipman (1988), y preferiblemente mediante implementaciones computarizadas de estos algoritmos, tales como GAP, BESTFIT, FASTA y TFASTA disponibles como parte del GCG (Marca Registrada), Wisconsin Package (Marca Registrada de Accelrys Inc., San Diego, Calif.). Una "fracción de identidad" para secuencias alineadas de una secuencia de ensayo y una secuencia de referencia es el número de componentes idénticos que son compartidos por las dos secuencias alineadas, dividido por el número total de componentes en el segmento de la secuencia de referencia, es decir, la secuencia de referencia completa o una parte más pequeña definida de la secuencia de referencia. El porcentaje de identidad de secuencia se representa como la fracción de identidad por 100. La comparación de una o más secuencias de ADN puede ser una secuencia de ADN de longitud completa o una parte de la misma, o una secuencia de ADN más larga.

Los promotores o regiones promotoras, selectivos de fibras, tal como se describen en esta memoria, pueden utilizarse para expresar regiones codificantes de interés en una planta de algodón de una manera selectiva de fibra. Para este fin, la célula vegetal de algodón puede proporcionarse con un transgén que comprende las siguientes regiones de ADN enlazadas operativamente: (a) un promotor o región promotora tal como se describe en esta memoria; (b) un ADN que codifica una molécula de ARN biológicamente activa; y opcionalmente una región de terminación de la transcripción o una región de terminación de la transcripción y poliadenilación, preferiblemente funcional en una célula vegetal tal como una célula vegetal de algodón.

Tal como se utiliza en esta memoria, "un ARN biológicamente activo" puede traducirse adicionalmente en un polipéptido o el ARN puede ejercer una actividad biológica propia, como lo ejemplifican las moléculas de ARN inhibitoras que disminuyen los niveles de ARNm de sus proteínas diana disponibles para su traducción a dicha proteína diana. Esto se puede lograr a través de técnicas bien establecidas que incluyen co-supresión (supresión de ARN sentido), ARN anti-sentido, ARN de doble cadena (ARNds), ARNsi o microARN (miARN). Otras moléculas de ARN biológicamente activas a modo de ejemplo pueden ser ribozimas que catalizan su propia escisión o la escisión de otros ARN. Al ADN que codifica un ARN biológicamente activo también se le puede aludir como "región codificante".

El término "heterólogo" se refiere a la relación entre dos o más secuencias de ácidos nucleicos o proteínas que se derivan de diferentes fuentes. Por ejemplo, un promotor es heterólogo con respecto a una secuencia de ácido nucleico enlazada operativamente, tal como una secuencia codificante, si tal combinación normalmente no se

encuentra en la naturaleza. Además, una secuencia particular puede ser "heteróloga" con respecto a una célula u organismo en el que se inserta (es decir, no se produce de forma natural en esa célula u organismo particular). Por ejemplo, el gen quimérico descrito en esta memoria es un ácido nucleico heterólogo.

5 La presente invención también está dirigida a células de plantas de algodón transgénicas y a plantas de algodón transgénicas que comprenden una secuencia de ácido nucleico tal como se describe arriba, es decir, un promotor, una región promotora o gen recombinante como se describe en esta memoria, enlazado operativamente a la secuencia de ácido nucleico, que incluye una secuencia heteróloga de ácido nucleico, tal como una región de ADN que codifica un producto de expresión de interés.

10 Se puede producir una célula vegetal o planta transgénica introduciendo la secuencia o secuencias de ácidos nucleicos tal como se describe arriba en plantas o células vegetales. La "introducción" en relación con la presente solicitud se refiere a la colocación de información genética en una célula vegetal o planta por medios artificiales. Esto puede efectuarse mediante cualquier método conocido en la técnica para introducir ARN o ADN en células vegetales, protoplastos, callos, raíces, tubérculos, semillas, tallos, hojas, plántulas, embriones, polen y microesporas, otros tejidos vegetales o plantas enteras. Más particularmente, la "introducción" incluye una
15 integración estable en el genoma de la planta.

Hay un cierto número de métodos disponibles para introducir ADN en células de plantas de algodón o en plantas, ya sea por transformación o por introgresión. La transformación de algodón mediada por *Agrobacterium* se ha descrito, p. ej., en la patente de EE.UU. 5.004.863, en la patente de EE.UU. 6.483.013 y el documento WO 2000/71733.

20 Las plantas también pueden transformarse por bombardeo de partículas: partículas de oro o wolframio se recubren con ADN y luego se disparan en células de plantas jóvenes o embriones de plantas. Este método también permite la transformación de plástidos vegetales. La transformación del algodón por bombardeo de partículas se reseña, p. ej., en el documento WO 92/15675.

Otros protocolos de transformación e introgresión también se pueden encontrar en la patente de EE.UU. 7.172.881.

25 "Introgresión" significa la integración de un gen en el genoma de una planta por medios naturales, es decir, cruzando una planta que comprende el gen quimérico descrito en esta memoria con una planta que no comprende dicho gen quimérico. La descendencia puede seleccionarse para aquellas plantas que comprenden el gen quimérico.

30 Las plantas que contienen al menos una secuencia de ácido nucleico transformada se denominan "plantas transgénicas". Transgénico y recombinante se refieren a un organismo huésped tal como una planta en la que se ha introducido una molécula de ácido nucleico heteróloga (p. ej., la secuencia de ácido nucleico, el gen quimérico o el vector tal como se describe en esta molécula). El ácido nucleico puede integrarse de manera estable en el genoma de la planta. Métodos específicos para la introducción se describen en relación con los métodos descritos en esta memoria.

La célula vegetal puede ser una célula vegetal de algodón.

35 "Algodón" o "planta de algodón", tal como se utiliza en esta memoria, puede ser cualquier especie del género *Gossypium* útil para cultivar fibras de algodón de cosecha. Las especies de algodón más utilizadas son *Gossypium barbadense*, *G. hirsutum*, *G. arboreum* y *G. herbaceum*. Especies adicionales incluyen *G. africanum* y *G. raimondii*. También se incluye la progenie de cruces de cualquiera de las especies anteriores con otras especies o cruces entre dichas especies.

40 Plantas de algodón incluyen, pero no se limitan a las siguientes variedades: Coker 312, Coker 310, GSC25110, FIBERMAX 819, Siokra 1-3, T25, GSA75, Acala SJ2, Acala SJ4, Acala SJ5, Acala SJ-C1, Acala B1644 , Acala B1654-26, Acala B1654-43, Acala B3991, Acala GC356, Acala GC510, Acala GAM1, Acala C1, Acala Royale, Acala Maxxa, Acala Prema, Acala B638, Acala B1810, Acala B2724, Acala B4894, Acala B5002, "picker" Siokra no Acala, "stripper" variedad FC2017, Coker 315, STONEVILLE 506, STONEVILLE 825, DP50, DP61, DP90, DP77, DES119, McN235, HBX87, HBX191, HBX107, FC 3027, CHEMBRED A1, CHEMBRED A2, CHEMBRED A3 , CHEMBRED
45 A4, CHEMBRED B1, CHEMBRED B2, CHEMBRED B3, CHEMBRED C1, CHEMBRED C2, CHEMBRED C3, CHEMBRED C4, PAYMASTER 145, HS26, HS46, SICALA, PIMA S6 ORO BLANCO PIMA, FIBERMAX FM5013, FIBERMAX FM5015, FIBERMAX FM5017, FIBERMAX FM989, FIBERMAX FM958, FIBERMAX FM832, FIBERMAX FM991, FIBERMAX FM819, FIBERMAX FM800, FIBERMAX FM960, FIBERMAX FM966, FIBERMAX FM981, FIBERMAX FM5035, FIBERMAX FM5044, FIBERMAX FM5045, FIBERMAX FM5013, FIBERMAX FM5015,
50 FIBERMAX FM5017 o FIBERMAX FM5024 y plantas con genotipos derivados de los mismos.

Una célula de una planta de algodón puede ser cualquier célula que comprenda esencialmente la información genética necesaria para definir una planta de algodón, que puede, además del gen quimérico descrito en esta memoria, complementarse con uno o más transgenes adicionales. Las células pueden derivarse de los diversos órganos y/o tejidos que forman una planta de algodón, incluidos, pero no limitados a frutos, semillas, embriones, tejido reproductor, regiones meristemáticas, tejido calloso, hojas, raíces, brotes, flores, tejido vascular, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas.

La presente solicitud también describe una planta transgénica que consiste en células de plantas de algodón transgénicas descritas anteriormente en esta memoria, o que comprenden el gen quimérico o el vector descrito en esta memoria, integrado de manera estable en el genoma de la planta. Esto puede efectuarse mediante protocolos de transformación descritos en otras partes de esta solicitud.

Además, se describen en esta memoria fibras de algodón y aceite de semilla de algodón que se pueden obtener o se obtienen a partir de las plantas descritas en esta memoria. Fibras de algodón descritas en esta memoria pueden distinguirse de otras fibras aplicando el método de detección descrito en el documento WO2010/015423 y comprobando la presencia del promotor recombinante o los genes quiméricos tal como se describe en esta memoria en las fibras. Por consiguiente, el ácido nucleico de al menos parte de las regiones promotoras descritas en esta memoria también se puede utilizar para rastrear las paredes celulares, en particular las fibras de algodón de acuerdo con la invención.

Las plantas o semillas de algodón que comprenden el gen quimérico descrito en esta memoria u obtenidas mediante los métodos descritos en esta memoria pueden tratarse adicionalmente con herbicidas del algodón, tales como Diuron, Fluometuron, MSMA, Oxifluorfen, Prometrina, Trifluralina, Carfentrazona, Cletodim, Fluazifop-butyl, Glifosato, Norflurazon, Pendimetalina, Pritiobac-sodio, Trifloxisulfurona, Tepraloxidima, Glufosinato, Flumioxazin, Tiazuron; insecticidas del algodón, tales como Acefato, Aldicarb, Clorpirifos, Cipermetrina, Deltametrina, Abamectina, Acetamiprid, Emamectina Benzoato, Imidacloprid, Indoxacarb, Lambda-Cihalotrina, Spinosad, Tiodicarb, Gamma-Cihalotrina, Spiromesifen, Piridilol, Flonicamid, Flubendiamida, Triflumuron, Rinaxipir, Beta-Ciflutrina, Spirotetramat, Clotianidina, Tiametoxam, Tiacloprid, Dinetofuran, Flubendiamida, Ciazipir, Spinosad, Spinoram, gamma Cihalotrin, 4-[[[(6-cloropiridin-3-il)metil](2,2-difluoretil)amino]furan-2(5H)-ona, Tiodicarb, Avermectina, Fonicamida, Piridilil, Spiromesifen, Sulfoxaflor; y fungicidas del algodón, tales como Azoxistrobina, Bixafen, Boscalid, Carbendazim, Clorotalonil, Cobre, Ciproconazol, Difenconazol, Dimoxistrobina, Epoxiconazol, Fenamidona, Fluazinam, Fluopiram, Fluoxastrobina, Fluxapiraxad, Iprodiona, Isopirazam, Isotianilo, Mancozeb, Maneb, Metominostrobin, Pentiopirad, Picoxistrobina, Propineb, Protoproconazol, Piraclostrobina, Quintozeno, Tebuconazol, Tetraconazol, Tiofanato-metilo, Trifloxistrobina. Para un tratamiento con herbicidas de algodón, dichas plantas o semillas de algodón comprenden preferiblemente, además, un rasgo que confiere una tolerancia respectiva a los herbicidas o son naturalmente tolerantes a un herbicida.

Los siguientes Ejemplos no limitantes describen la construcción de un promotor recombinante selectivo de fibras y la construcción de genes quiméricos para la expresión selectiva en células de fibra en desarrollo. A menos que se indique lo contrario en los Ejemplos, todas las técnicas de ADN recombinante se llevan a cabo de acuerdo con los protocolos estándares descritos en Sambrook et al. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Segunda edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY y en los volúmenes 1 y 2 de Ausubel et al. (1994) Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols, EE.UU. Los materiales y métodos estándares para el trabajo molecular de plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado conjuntamente por BIOS Scientific Publications Ltd (Reino Unido) y Blackwell Scientific Publications, Reino Unido.

A lo largo de la descripción y los Ejemplos, se hace referencia a las siguientes secuencias representadas en el listado de secuencias:

- SEQ ID N° 1: secuencia de nucleótidos de la región promotora recombinante FB8-like2_FSR.
- SEQ ID N° 2: secuencia de nucleótidos de la región promotora selectiva de fibras de un gen FB8-like2 de *Gossypium hirsutum* (también descrito en el documento EP13189991).
- SEQ ID N° 3: secuencia de nucleótidos de la región FSR del promotor del gen de algodón que codifica la proteína de transferencia de lípidos de algodón Fsltp4.
- SEQ ID No 4: secuencia de nucleótidos de la región FSR del núcleo del promotor del gen de algodón que codifica la proteína de transferencia de lípidos de algodón Fsltp4.
- SEQ ID N° 5: secuencia de nucleótidos de la región promotora selectiva de fibras de un gen FB8-like1 de *Gossypium hirsutum* (también descrito en el documento US2013/0081154).

SEQ ID N° 6: secuencia de nucleótidos de la región promotora del gen Fb1ate de *Gossypium hirsutum* (región promotora 4-4; también descrita en el documento US 6.211.430).

SEQ ID N° 7: secuencia de nucleótidos de la región promotora del gen Fb1ate2 de *Gossypium hirsutum* (también descrita en el documento WO96/40924).

5 SEQ ID N° 8: secuencia de nucleótidos del T-ADN del vector pTDBI263.

Ejemplos

Ejemplo 1: Construcción de una región promotora de FB8like2_FSR recombinante

10 La región promotora recombinante FB8like2_FSR se construyó insertando la región de especificidad para la fibra (FSR) y algunas secuencias flanqueantes del promotor FSltp4 de algodón (Delaney et al. 2007, Plant Cell Physiol. 48(10): 1426-1437) en el promotor Fb8-like-2 entre las posiciones 426 y 427. Esta FSR suprime la actividad del promotor fuera de las células de fibra de algodón.

La secuencia del promotor quimérico que figura más adelante se proporciona en la Figura 1 (la secuencia en la fuente normal procede de Fb8-like-2, la secuencia de nucleótidos en negrita se origina en el promotor FSltp4, incluida la FSR, indicada en negrita, cursiva, subrayada fuente).

15 El sitio de inserción de la FSR se eligió de tal manera que la distancia entre la FSR y el sitio de inicio de la transcripción era similar dentro del promotor recombinante a la del promotor FSltp4 y en un punto en donde el promotor Fb8-like-1 relacionado (y los promotores 4-4 y Fb1ate2) también tenían una inserción (véase el alineamiento en la Figura 3). De esta manera, se maximizó la posibilidad de que tanto la FSR como el promotor sigan siendo funcionales.

20 La región promotora recombinante comprende así:

a. posición 1 a posición 426: secuencia de nucleótidos de la región promotora FB8like2 (SEQ ID N° 2) de la posición 1 a 426

b. posición 427 a posición 557: secuencia de nucleótidos de la SEQ ID N° 3 (incluida la región FSR)

25 c. posición 558 a posición 1090: secuencia de nucleótidos de la región promotora de FB8like2 (SEQ ID N° 2) desde la posición 427 a 959.

Ejemplo 2: Expresión de quitina sintasa y gfa bajo el control de la región promotora FB8like2_FSR en algodón

30 La quitina sintasa se puede expresar en plantas de algodón para aumentar las cargas positivas en la fibra de algodón mediante la introducción de polímeros de quitina en la pared celular de la fibra. Para ello, es importante la expresión preferente de fibras o específica de fibras, ya que las plantas transformadas con un gen de quitina sintasa en su mayoría no muestran un fenotipo apreciable si el promotor que controla la expresión de la quitina sintasa está impulsando la expresión en muchos otros tejidos o tipos de células distintos de las células de fibra.

35 Se generó el siguiente vector de T-ADN que comprende genes quiméricos de acuerdo con la invención: Vector de T-ADN (pTDBI263) que comprende una secuencia de ácido nucleico que codifica el gen de la quitina sintasa 2 de *Neurospora crassa* que comprende una señal que fija como objetivo el Golgi de *Arabidopsis thaliana* bajo el control de la región promotora recombinante FB8like2_FSR y que, además, comprende un gen epsps recombinante como gen marcador seleccionable, así como un gen recombinante que comprende la región codificante de gfa (glutamina: fructosa-6-fosfato amidotransferasa) de *E. coli* (Frohberg y Essigmann, 2006) bajo el control de la región promotora FB8like2_FSR. La secuencia de nucleótidos del T-ADN de este vector se representa en SEQ ID N° 8. Los elementos genéticos del vector se indican en las características de la SEQ ID N° 8.

45 Este vector se transfirió a una cepa de *Agrobacterium* apropiada que se utilizó para transformar la variedad de algodón Coker312-17. Las frecuencias de transformación se determinaron y compararon con experimentos de transformación con vectores similares, pero en los que la quitina sintasa y gfa están bajo el control de otros promotores selectivos de fibras. También se incluyó un vector de T-ADN control que no comprendía las regiones codificantes "deletéreas". Los resultados se resumen en la Tabla 1.

Tabla 1: Eficiencia de transformación y porcentaje de plantas fértiles obtenidas.

Experimento	Construcción	Promotor(es) (chs/gfa)	Eficiencia de Transformación (%)	% Fertilidad
EXPERIMENTO 1	pTIB358	Fb8-like-1/Fb8-like-1	7,0	38
	pTIB359	Fb8-like-2/Fb8-like-2	7,8	28
	pTIB360	FS18/SCW-PRP	9,7	25
	pTIB361	SCW-PRP/FS18	9,6	13
	pTDBI263	Fb8like2_FSR/Fb8-like2_FSR	23,8	35
	pTIF78	-	23,4	35
EXPERIMENTO 2	pTIB344	FS18/FS18	7,4	20
	pTIB345	SCW-PRP/SCW-PRP	9,2	14
	pTIB348	Fb-B6-1/Fb-B6-1	0,2	0
	pTIB349	Fb-B6-2/Fb-B6-2	0,5	40
	pTIB362	FS18/Fb-B6-1	5,4	13
	pTIB363	SCW-PRP/Fb-B6-1	6,5	23
	pTDBI263	Fb8like2_FSR/Fb8-like2_FSR	20,0	35

5 Como se puede deducir de los resultados resumidos en la Tabla 4, vectores de T-ADN que comprenden las regiones promotoras recombinantes de la invención para impulsar la expresión de quitina sintasa y la región codificante de gfa dieron como resultado eficiencias de transformación significativamente más altas que cuando se utilizan vectores de T-ADN con otras regiones promotoras selectivas de fibras, similares a los experimentos de transformación que utilizan un vector de T-ADN "neutro". Además, el porcentaje de plantas fértiles obtenidas fue similar al obtenido cuando se utiliza un vector de T-ADN neutro. Se piensa que estas frecuencias incrementadas son provocadas por la menor expresión de gfa y quitina sintasa fuera de las fibras, ya que dicha expresión fuera de las fibras provoca fenotipos no deseados, y puede ser perjudicial para las células vegetales distintas de las células de la fibra (iniciación).

10

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Bayer CropScience NV

<120> Promotor recombinante con expresión incrementada específica de fibras

<130> BCS14-2010

15 <160> 8

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 1090

<212> AND

20 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Promotor FB8-like2::FSR recombinante

ES 2 700 377 T3

<220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (1)..(426)
 <223> extremo 3' de promotor FB8-like2

5 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (427)..(557)
 <223> región FSR de promotor FS1tp4

10 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (558)..(1090)
 <223> extremo 5' de promotor FB8-like2

<400> 1

aagcttaaaa	tcacttatca	atctcaaaaa	cagaggttag	ccgaatgcta	agagcttaaa	60
aatggcttct	tttgtttctt	tttcttgcaa	acggtggaga	gaagagggaa	atgaagattg	120
accatatactt	tttttattat	gttttaacat	ataatattaa	taatttaatc	ataattatac	180
tttggtgaat	gtgacagtgg	ggatatacgt	aaagtatata	acattatact	ttttgcaagc	240
agttggctgg	tctacccaag	agtgatcaaa	ttttgagctg	ccttcaatga	gccaattttt	300
gcctataatg	gataaaggca	ctttgtctag	ttcaactgct	cacagaataa	tgtaaaatg	360
aaattaaaac	aaggtgggct	ggtcacacca	aaaaaataaa	atattaatgt	gggtgttggg	420
tagtgcattt	tatattagtt	ccatggcata	ccgcctggaa	aaggaaaatt	catgtaaata	480
atatatttat	aaaaatttat	attaaaacta	aatgaaattt	tagttgaaat	agttaagtta	540
aaaagagtaa	aatttataat	ttatcataat	tttatagaaa	ttgagactaa	aaaacattaa	600
gagaataaat	tctataacaa	agacaattta	gtaaaaatgt	ccttttaggt	aattttaagt	660
actcttaacc	aaaataaaaa	attcaaatca	aattaaccaa	ataagataat	ataacatacg	720
gaacatocca	cttataatct	tacatccccg	taatcttatt	atgaaaagta	atcttatatt	780
actcgaatca	aatgctctca	caaactatta	tctaaataaa	gaaaaacact	taatttttat	840
aacatttttt	ttcatatatt	tgaaagatta	tattttgtat	ttttacgtaa	aaatatttga	900
catagattga	gcaccttttt	aacataattc	caccataagt	caattatgta	gatgagaaat	960
tggtacaaaac	aacgtggagc	caaatcccac	caaaccatct	ctcatcctct	cctataaaaag	1020
gcttgctaca	catagacaac	aatccacaca	aaaatacact	taaaattctt	ttctttctat	1080
ttggttaacc						1090

20 <210> 2
 <211> 959
 <212> ADN
 <213> Gossypium hirsutum

<400> 2

ES 2 700 377 T3

aagcttaaaa tcacttatca atttcaaaaa cagaggtag ccgaatgcta agagcttaaa 60
aatggcttct tttgtttctt tttcttgcaa acggtggaga gaagagggaa atgaagattg 120
accatatctt tttttattat gttttaacat ataattata taatttaatc ataattatac 180
tttggatgaat gtgacagtgg ggatatacgt aaagtatata acattatact ttttgcaagc 240
agttggctgg tctacccaag agtgatcaaa ttttgagctg ccttcaatga gccaatTTTT 300
gcctataatg gataaaggca ctttgtctag ttcaactgct cacagaataa tgttaaaatg 360
aaattaaaac aaggtgggct ggtcacacca aaaaaataaa atattaatgt ggtgtttggt 420
tagtgcgaatt tatcataatt ttatagaat tgagactaaa aaacattaag agaataaatt 480
ctataacaaa gacaatttag taaaaatgct cttttaggta attttaagta ctcttaacca 540
aaataaaaaa ttcaaatcaa attaaccaaa taagataata taacatacgg aacatcccac 600
ttataatctt acatccccgt aatcttatta tgaaaagtaa tcttatatta ctgcaatcaa 660
atgctctcac aactattat ctaaataaag aaaaacactt aatTTTTata acattTTTT 720
tcatatattt gaaagattat attttgtatt tttacgtaa aatatttgac atagattgag 780
caccttttta acataattcc accataagtc aattatgtag atgagaaatt ggtacaaaca 840
acgtggagcc aaatcccacc aaaccatctc tcatcctctc ctataaaagg cttgctacac 900
atagacaaca atccacacaa aaatacactt aaaattcttt tctttctatt tggttaacc 959

- <210> 3
- <211> 131
- 5 <212> ADN
- <213> Gossypium hirsutum
- <220>
- <221> característica miscelánea
- <222> (11)..(94)
- 10 <223> región de núcleo de FSR del promotor FSItP4
- <400> 3

atTTtatatt agttccatgg cataccgcct ggaaaaggaa aattcatgta aataatata 60
ttataaaaaat ttatattaaa actaaatgaa attttagttg aaatagttaa gttaaaaaga 120
gtaaaattta t 131

- <210> 4
- 15 <211> 84
- <212> ADN
- <213> Gossypium hirsutum
- <400> 4

atTTccatgg cataccgcct ggaaaaggaa aattcatgta aataatata ttataaaaaat 60
ttatattaaa actaaatgaa attt 84

20

ES 2 700 377 T3

<210> 5
 <211> 1437
 <212> ADN
 <213> Gossypium hirsutum

5 <400> 5

```

catgattagt tagatcaagc ttttgagtct tcaaaaacat aaaaattaca aaaaaaaaaac      60
aaacttaaaa tcatttatca atttgaacaa caaagcttgg ccgaatgcta agagcttaaa      120
aatggcttct tttgtttctt tttgttgcaa acggtggaga gaagagggaa atgaagattg      180
accatatttt tttattatgt tttaacatat aatattaata atttaatcat aattatactt      240
tggatgaatgt gacagtgggg agatacgtaa agtatataac attatacttt ttgcaagcag      300
ttggctggctc taccoaagag tgatcaaagt ttgagctgcc ttcaatgagc caatttttgc      360
ccataatgga taaaggcaat ttgtttagtt caactgctca cagaataatg ttaaaatgaa      420
attaaaaata ggtggcctgg tcacacacac aaaaaaaaaac taatgttggg ttggttgaatt      480
ttatattacg gaatgtaata ttatatttta aaataaaatt atgttattta gattcttaat      540
atthtgagca ttccatacta taatttcgta tacataatat taaaatatag taatataaag      600
tgtaattaac tttaaattac aagcataata ttaaattttg aatcaattaa tttttatttc      660
tattatttta attaatttag tctatttttt caaaataaaa tttaaatcta aataaaaata      720
atthttcctt aatgttgaaa caactcatgt tatacttcaa aattataagt attatattta      780
ccttgatgat ttatttatta gtatattaat tctgattata attatgggtg gatacaatcg      840
ctttccacta aatattttta ctatgattta taaatttatt tcaacatcgt atatttactt      900
attaatacat aatttatcat aattttatgg aaattgagac caagaaacat taagagaaca      960
aattctataa caaagacaat ttagaaaaaa atgtactttt aggtaatttt aagtactctt     1020
aaccaaacac aaaaattcaa atcaaatgaa ctaaataaga taatataaca tacggaacat     1080
cttacttgta atcttacatt ccataattt tattatgaaa aataatctta tattactoga     1140
actaaatggt gtcacaaatt attatctaaa taaagaaaaa cacttaattt ttataacatt     1200
ttttcatata tttgaaagat tatattttgt atatttacgt aaaaatattt gacatagatt     1260
gagcaccttc ttaacataat ccaccataa gtcaagtatg tagatgagaa attggtacaa     1320
acaacgtggg gccaaatccc accaaacat ctctcattct ctocataaaa aggcttgcta     1380
cacatagaca acaatccaca cacaaataca cgttcttttc tttctatttg attaacc     1437
  
```

10 <210> 6
 <211> 4167
 <212> ADN
 <213> Gossypium hirsutum
 <400> 6

ES 2 700 377 T3

actaaagga	acaaaagctg	gagctccacc	gcggtggcgg	ccgctctaga	actagtggat	60
cccccgtag	ctaaacaaaa	catgggaaga	tttgcgtgaa	aaaaataaaa	gaagcttact	120
caataacact	ttgtgaattg	tatacaaaag	actcaatgaa	aaacaataac	tcaatacact	180
ttttttcact	gatttacatc	ctttatatag	gctgaaacta	caacaacttt	agctaaaaaa	240
ataggataac	ctaatagcaa	aatcacaaac	agatattaaa	ccatgatttt	agctaaccat	300
ttaacaactt	tattgaaact	aatttgaata	tttcatctgc	tgatatgccc	aagattttag	360
gccactaacc	gatttggtag	tgaactttaa	catgtcatgc	atttgaact	gtttgaaca	420
agttttttgc	attattttac	tatatgaact	gtttgattag	gttgagttac	acactgagct	480
tgtaagctca	ctcaaatttt	tctaatttct	aaggatgaca	gcaaacttag	gaccgggagg	540
cgtacgagag	ctcggattga	ttttctagtt	aataaataag	acgatttatg	tttttaact	600
attatggact	ttttggacta	tgtaactggt	tgggacttta	tttttgtttt	ttatttgctt	660
tttttgatt	tagtaattat	tatttttaaa	ctgcaaaatt	atatgttttt	acaaactaag	720
tcacagtttt	caaaattcca	taacttagaa	tttttcgctg	caaaataaag	taatcattta	780
agtgtttttt	ctgtaataaa	ataaataaat	aattttaacg	agtattttcc	taaaaattgg	840
aaattgattt	acaaaaatta	gtatgtcaaa	acacatgttt	atatgtttaca	gggcgatatc	900
gtctaggcaa	ataacatcta	ggcggggttt	ggagtgttac	agggcgagtg	ggctcatttt	960
gagtaagtat	agttagggcc	gagttttaga	ttgcatattc	aagggtcaaag	attttgtaaa	1020
cttcgatgaa	tgatatgtat	gattgtccga	ttaacgaaat	atgttttttt	cttttggtg	1080
tgttttatct	cgtgtgataa	gtatatagta	tgttttattc	caattcttat	ggcatgtgac	1140
attgtggcta	ttctaattaa	attgatttgt	tattattgaa	atctgatgca	tctgttctac	1200
aaagcatgga	atctcatgcc	tactgctttc	tgtaaagat	acgattgcaa	gtttaacatg	1260
cttactatatt	tgattttgtc	cttgcatgct	atgtcacatt	acatgggggt	gggatgatat	1320
ggtaaggagg	aagttttgac	agtttaatga	tttgcactat	ctgggtggtt	aaccacatat	1380

ES 2 700 377 T3

ttgttatggc atcttgactg cggttatggt ggctcgaccg cccatatctg ttctggaaat 1440
 ttatctgtga ctctggggc attgtctaca attatttgtt ggtgtgtttt ggatggacga 1500
 gtcgtgggga actctatttg gtgtgttgcg gagttgggta ggaaattttc gaaaaaatt 1560
 tgcattgtgt ttttctgaaa aatattgcat taacataatc atgcattctc aatttttggtc 1620
 aattgaacgt tataaaattc tctatgatat cctgatctgt ttattacatt atagtgtttt 1680
 atgcttgagt taagtcaaac attgagattc atagctcacc caattattta atcatttcag 1740
 gcaatctgca gacttaggat tggatggcgt tcaggagcct ggattggttt tctcacatca 1800
 tattttatta aataattatt aattaaatt tatggacttt tggactgtct gactaatttt 1860
 cagaatttta ttttggtttt gggttttggt gaatttttta gataattatt ttaaatttc 1920
 tgcataattt ttctgttatt tgaaaaggat gttcgaattt tttttcaaaa ttgaaacgtt 1980
 taagaatttt tactactgca aattcagaat aagtgaattt gttttttaga aagattaat 2040
 aagttagtat tacgattttt agtttgattt ggtggaagt aatgtatgtt tttgaacata 2100
 attatttgac aataattaag ttttctaggg aataaacgga aatatctct tcttttttgt 2160
 aaaattacta atgcaagaac aaacaacgtt ttggggagca aataatctag cttaagtag 2220
 tcagtgtaac tctcaaaatc tggtcataac ttctaggctg agtttgctgt gctacagtag 2280
 taagtctata gaaacttacc tgacaaaacg acatgacgtc agggtcgaat ctacaacttt 2340
 tcctttttct tcaattaaca tatggttgat tcaagtccg atctataata atttattacg 2400
 atttatcaat ttcaattacc ttatatcadc ctattataaa tataagtcag ttcaattcag 2460
 ttttgaaag ttcccaaaaa ttttgaattt tattaattt attccctaaa accgaaatag 2520
 ttatatcttt caaatttaag tttcattttt caatccgatt tcaatttcat ctttttataa 2580
 ctctctatta tctataatta cataaatttc aaattaattt tgaaatattt acacttttagt 2640
 ccctaagttc aaaactataa attttcactt tagaaattaa tcatttttca catctaagca 2700
 tcaaatttaa ccaaatgaca caaatttcat gattagttag atcaagcttt tgagtcttca 2760
 aaacataaaa attcaaaaa aaaaacaaac ttaaaatcat ttatcaattt gaacaacaaa 2820
 gcttggccga atgctaagag cttaaaaatg gcttcttttg tttctttttg ttgcaaacgg 2880
 tggagagaag agggaaatga agattgacca tattttttta ttatgtttta acatataata 2940
 ttaataattt aatcataatt atactttggt gaatgtgaca gtggggagat acgtaaagta 3000
 ttttaacatt atactttttg caagcagttg gctggtctac ccaagagtga tcaaagtttg 3060
 agctgccttc aatgagccaa tttttgccca taatggataa aggcaatttg tttagttcaa 3120
 ctgctcacag aataatgtta aaatgaaatt aaaataaggt ggcctggtca cacacacaaa 3180
 aaaaaactaa tgttggtttg ttgaatttta tattacggaa tgtaatatta tattttaaaa 3240
 taaaattatg ttatttagat tcttaattt ttggagcatt ccatactata atttcgtaac 3300

ES 2 700 377 T3

ataatattaa aatatagtaa tataaagtgt aattaacttt aaattacaag cataatatta 3360
 aattttgaat caattaattt ttatttctat tattttaatt aatttagtct attttttcaa 3420
 aataaaattt aaatctaaat aaaaataatt tttccttaat gttgaaacaa ctcagtgtat 3480
 acttcaaaat tataagtatt atatttacct tgatgattta tttattagta tattaattct 3540
 gattataatt atggtgggat acaatcgctt tccactaaat attttaacta tgatttataa 3600
 atttatttca acatcgtata tttacttatt aatacataat ttatcataat tttatggaaa 3660
 ttgagaccaa gaaacattaa gagaacaaat tctataacaa agacaattta gaaaaaatg 3720
 tacttttagg taattttaag tactcttaac caaacacaaa aattcaaactc aatgaacta 3780
 aataagataa tataacatac ggaacatctt acttgtaatc ttacattccc ataattttat 3840
 tatgaaaaat aatcttatat tactcgaact aatggtgtc acaaattatt atctaaataa 3900
 agaaaaacac ttaattttta taacattttt tcatatattt gaaagattat atttgtata 3960
 tttacgtaaa aatatttgac atagattgag caccttctta acataatccc accataagtc 4020
 aagtatgtag atgagaaatt ggtacaaaac acgtggggcc aatcccacc aaaccatctc 4080
 tcattctctc ctataaaagg cttgctacac atagacaaca atccacacac aaatacacgt 4140
 tcttttcttt ctatttgatt aaccatg 4167

<210> 7

<211> 2317

<212> ADN

5 <213> Gossypium hirsutum

<400> 7

ctgcagactt aggattggat ggcgttcagg agcttggatt ggttttctca catcatattt 60
 tattaataa ttattaatta aaatttatgg acttttgac tgtctgacta attttcagaa 120
 ttttattttg gttttgggtt ttgttgagtt ttttagataa ttattttaa tattctgcat 180
 aatttttctg ttatttgaaa aggatgttcg aattttttt caaaattgaa acgtttaaga 240
 attttacta ctgcaaatc agaataagtg aatttgttt ttagaaagat taaataagtt 300
 agtattacga ttttagttt gatttgggtg aaagtaatgt atgtttttga acataattat 360
 ttgacaataa ttaagttttc taggaaataa acggaaatat cttctttttt ttttgtaaaa 420
 ttactaatgc aagaacaaac aacgttttg gaagcaaata atctagctt aagtagtcag 480
 tgtaactctc aaaatctggt cataacttct aggtctgagtt tgctgtgcta cagtagtaag 540
 tctatagaaa cttacctgac aaaacgacat gacgtcaggg tcgaatctac aacttttct 600
 tttcttcaa ttaacatatg gttgattcaa gttccgatct ataataattt attacgattt 660
 atcaatttca attaccttat atcatcctat tataaatata agtcagttca attcagttt 720
 cgaaagtcc ctaaattttt gaattttatt aattttatc cctaaaaccg aatagtgat 780

ES 2 700 377 T3

```

atctttcaaa ttttaagtttc atttttcaat ccgatttcaa tttcatcctt ttataactct      840
ctatgatcta taattacata aatttcaaac taattttgaa atatatacac tttagtcocct      900
aagttcaaaa ctataaattt tcactttaga aattaatcat ttttcacatc taagcatcaa      960
atttaaccaa atgacacaaa tttcatgatt agttagatca agcttttgag tcttcaaaaa     1020
cataaaaatt acaaaaaaaaa aaaaacaac ttaaatcat ttatcaattt gaacaacaaa     1080
gcttgccga atgctaagag cttaaaaatg gcttcttttg tttctttttg ttgcaaacgg      1140
tggagagaag agggaaatga agattgacca tattttttta ttatgtttta acatataata     1200
ttaataattt aatcataatt ataccttggg gaatgtgaca gtgggggat acgtaaagta     1260
tataacatta tactttttgc aagcagttgg ctggtctatc caagagtgat caaagtttga     1320
gctgccttca atgagccaat ttttgcccat aatggataaa ggcaatttgt ttagttcaac     1380
tgctcacaga ataatgtaa aatgaaatta aaataagggtg gcctgggtcac acacacacaa     1440
aaaaaaaaact aatgttggtt ggttgaattt tatattacgg aatgtaatgt tatattttaa     1500
aataaaatta tgttatttag attccttaata ttttgagcat tccatactat aatctcgtat     1560
acataaatatt aaaatatagt aatataaagt gtaattaact ttaaattaca agcataatat     1620
taaattttga atcaattaat ttttatttct attattttaa ttaatttagt ctattttttc     1680
aaaataaaat ttaaactctaa ataaaaataa tttttcctta atattattaa taaatttatt     1740
tcaacatcat atatttactt attaatacat aaattataat aatttatcat aattttatgg     1800
aaattgagac caagaaacat taagagaaca aattctataa caaagacaat ttagtaaaaa     1860
tgtactttta ggtaatttta agtactctta accaaacaca aaaattcaaa tcaaatgaac     1920
caaataagat aatataacat acagaatctc ctacttgtat tcttacattc ccgtaatcat     1980
attatgaaaa gtaatattat attacctgag ccaaatgctc tcacaaacta ttatccaaaa     2040
aaaaaatggt gaatataatt tttataacat tttttcatat atttgcaaga ttatattttg     2100
tatatttacg taaaaatatt tgacatagat tgaacacctt cttaacataa tcccaccata     2160
agtcaagtat gtagatgaga aattggtaca aacaacgtgg ggccaaatcc caccaaacca     2220
tctctcatcc tctcctataa aaggctagtt acacatacac aacaatccac acacaaatac     2280
actcaaaatt ctttgctttg tatttcggtt aaccatg      2317

```

<210> 8
 <211> 11990
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

5

<220>
 <223> T-ADN de vector pTDBI623

<220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (1)..(25)
 <223> Repetición del límite derecho desde el T-ADN de Agrobacterium tumefaciens

10

ES 2 700 377 T3

- <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (61)..(1150)
 <223> Región del promotor quimérico FB8-like2-FSR
- 5 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (1151)..(1255)
 <223> secuencia codificante del péptido de retención de Golgi del gen beta-1,2-xilosiltransferasa de Arabidopsis thaliana
- 10 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (1256)..(4087)
 <223> secuencia codificante del gen quitina sintasa 2 de Neurospora crassa
- <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (4099)..(4323)
 <223> secuencia que incluye la región 3' no traducida del transcrito 35S de CaMV
- 15 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (4800)..(4930)
 <223> promotor quimérico FB8-like2_FSR
- 20 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (5464)..(7293)
 <223> región codificante del gen glutamina:fructosa-6-fosfato amidotransferasa de E. coli adaptada al uso del codón de la planta
- 25 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (7311)..(7971)
 <223> secuencia 3' no traducida del gen histona H4 de Arabidopsis thaliana
- 30 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (8021)..(8937)
 <223> gen epsps mutante expresable en plantas
- 35 <220>
 <221> característica miscelánea
 <222> (11962)..(11986)
 <223> LB: repetición del borde izquierdo del T-ADN de Agrobacterium tumefaciens
- <400> 8
- 40 aattacaacg gtatatatcc tgccagtact gggccccctc gagggcgatc gcgcggccgc 60
 aagcttaaaa tcacttatca atttcaaaaa cagaggttag ccgaatgcta agagcttaa 120
 aatggcttct tttgtttctt tttcttgcaa acggtggaga gaagaggaa atgaagattg 180
 accatatctt tttttattat gttttaacat ataatattaa taatttaatc ataattatac 240

ES 2 700 377 T3

ttggtgaat gtgacagtgg ggatatacgt aaagtatata acattatact ttttgcaagc 300
 agttggctgg tctaccaag agtgatcaaa ttttgagctg ccttcaatga gccaatTTTT 360
 gcctataatg gataaaggca ctttgtctag ttcaactgct cacagaataa tgttaaaatg 420
 aaattaaaac aaggtgggct ggtcacacca aaaaaataaa atattaatgt ggtgtttggg 480
 tagtcgattt tatattagtt ccatggcata ccgcctggaa aaggaaaatt catgtaaata 540
 atatatttat aaaaatttat attaaaacta aatgaaattt tagttgaaat agttaagtta 600
 aaaagagtaa aatttataat ttatcataat tttatagaaa ttgagactaa aaaacattaa 660
 gagaataaat tctataacaa agacaattta gtaaaaatgt ccttttaggt aattttaagt 720
 actcttaacc aaaataaaaa attcaaatca aattaaccaa ataagataat ataacatagc 780
 gaacatccca cttataatct tacatccccg taatcttatt atgaaaagta atcttatatt 840
 actcgaatca aatgctctca caaactatta tctaaataaa gaaaaaact taatttttat 900
 aacatttttt ttcatatatt tgaaagatta tattttgtat ttttacgtaa aaatatttga 960
 catagattga gcaccttttt aacataattc caccataagt caattatgta gatgagaaat 1020
 tggtaacaac aacgtggagc caaatcccac caaacatct ctcacctct cctataaaag 1080
 gcttgctaca catagacaac aatccacaca aaaatacact taaaattctt ttctttctat 1140
 ttggttaacc atgagtaaac ggaatccgaa gattctgaag atttttctgt atatgttact 1200
 tctcaactct ctctttctca tcatctactt cgtttttcac tcatcgtcgt tttcagagtc 1260
 cagaatcagc aaccggttat cgagttccgc cacaaggacg gtacgagcct tcagaaatcg 1320
 atgcatgccc aggccaggga caccgggacg gagttacgga aatgcgaggc gaccgcttc 1380
 ctggcacca gcgcctttac actacaatag cccaagtcgc gcagcgagtc attatccagc 1440
 gtaccatgga ggttatgagg acgacgtgac agtttagcatg ggaccggacg acgatcgtac 1500
 agatatcttt ggccccgaaa ccgatctcag cgaaacgcgc cacctcaacg acgcatacgg 1560
 gtttcggtca tcccagatca cctcagcga agatccccac ggcacccaag cgcgttcccg 1620
 gtacgacgac gaagacgatg tgagcaccac ttattcctcc aacacgggca ccagcgttc 1680
 aggtgtcgac aagttcagac attacggtcc cattccggag gaaggcaagc acgagcggcg 1740
 cggcgtgcga ccaccacaga tgtcagggaa ggaagtccag ctcacaaacg gcgaactcgt 1800
 tctcagagtc aagattccga ctatatgtta ttcgtttttg cccaggagag acgaagtgga 1860
 gtttacgcac atgcggtaca cagccgtcac ttgtgacct gatgactttg ttgccagggg 1920
 ttacaagttg cgcagaata tcggtcgtac cgcagggag acggagctgt tcatctcgt 1980
 gaccatgtac aacgaggacg agttcggatt cacacggact atgcacgcag tgatgaagaa 2040
 ctttcgcat ttttgttccc gaaacaagag taggacgtgg ggagcggatg ggtggcagaa 2100
 gattgtggtc tgtgtggttt cggatggacg agagatcatt cacccccgga cttggacgc 2160

ES 2 700 377 T3

cctcgcagcc atgggcggtt accagcacgg tatcgccaag aactttgtca accagaaggc 2220
 ggtgcaggcc cacgtttacg agtacacgac acaagtgtct ctggacagcg acctcaagtt 2280
 caagggcgcc gagaaggcca tcgtgccctg ccagatgatt ttttgcttga aggagaagaa 2340
 ccaaaagaaa ctcaactcgc atagatgggt cttcaacgcc tttggcaaag ccttgaaccc 2400
 gaatgtgtgt atcctcctag acgtcggcac ccgccccggc ggcacaagtc tctaccatct 2460
 ctggaagacc ttcgacacgg attccaacgt ggcggggggc tgcggggaaa tcaaagcgat 2520
 gaagggcgcg tttggcggga atttgcctca ccctctgggt gctagtcaga actttgagta 2580
 caagatgagc aatattctgg acaaaccggt ggagtcggtg tttgggtaca tcacggtgtt 2640
 gccggggccc ttgtcggcgt atcggtagca tgcgctgcag aacgatgaga cgggccatgg 2700
 gccgttgagt cagtatttca agggcgagac gctccatggg cagcacgcgg atgtgtttac 2760
 ggcgaacatg tacttgcccg aggaccgaat tctgtgttgg gagttgggtg ccaagagggg 2820
 tgagaggtgg gtgttgaagt atgtgaaggg gtgtacgggt gagacggatg tgcctgacac 2880
 cgtcccgaaa ttcgtctcgc aacgtcgtcg ttggctcaac ggtgccttct tcgcccggct 2940
 ctactccctc gtccacttcc gacaaatctg gaaaaccgac cacaccttta tgcgcaaagc 3000
 ccttctccac gtcgaattcc tctaccacct cctgcaactc ctcttcacct acttctccct 3060
 ggccaaactc tacctcgcct tctactttat cgcggcgga ctcgcccgat cccacgtcga 3120
 cccttttaac tcggacggcc acgtcgcgag catcatctc aacatcctcc gctacgtctg 3180
 cgtcctgctg atctgcacac aattcatctt gtccctcggc aaccgtccc aggggtgcaa 3240
 aagaatgtat ctgcgcatca tgatcatcta cgcgctcatc atgggtgtaca ccacctcgc 3300
 caccatctc atcgtcgtgc gacaaatcca accctctcaa aaatccgacg acaagcccga 3360
 cctcgaactc ggcaacaacg tcttcaccaa cctgatcgtc tccgtggeta gtaccctcgg 3420
 gctctacttc gtcatgtcct ttctctatct cgaccctggg cacatgttca cctcggccat 3480
 ccagtacttt gtccctcgtc cttcctacat ctgcacgctc cagatctacg ccttttgcaa 3540
 caccacgac gtcacatggg gcaccaaagg cgacaacgtg atgcgcaccg atctcggagg 3600
 cgccattggc aaggaagca ccgtcgaact ggaaatgcct tcggaccaac tcgacatcga 3660
 ctcgggatac gacgaatgtc tacgaaatct ccgggatcgc gtcatggtcc ctgcccgtcc 3720
 cgtgtccgag gaccagctgc agcaggatta ctacaagtcg gtgcgcacgt acatgggtgt 3780
 gtcgtggatg gtggccaacg cgacgctggc catggcggtg tcggaagcgt atggcgattc 3840
 ggaaattggg gataattttt acttgcgggt taccctgtgg gcgggtggcg ccctggcgct 3900
 gtttagagcg ttggggctga cgacgtttgc ggcgattaat ctggtgagtg ctctcgtgga 3960
 gggcagggtc aggctgaggt tgaatatgaa agggtttagg tggattaagg agaagtgggg 4020

ES 2 700 377 T3

ggatgcggat gtgaagggca agtttgaggg gttgggggat cgggagggg ggttggcgag 4080
 gcggtgagct agcaagcctg gacacgctga aatcaccagt ctctctctac aaatctatct 4140
 ctctctattt tctccataat aatgtgtgag tagttcccag ataagggaa tagggttcct 4200
 atagggtttc gctcatgtgt tgagcatata agaaaccctt agtatgtatt tgtatttgta 4260
 aaatacttct atcaataaaa tttctaattc ctaaaaccaa aatccagtac taaaatccag 4320
 atcatgcatg gtacagcacg cgtcctgcag gcccggtta attaagcggc cgcaagctta 4380
 aaatcactta tcaatttcaa aaacagaggt tagccgaatg ctaagagctt aaaaatggct 4440
 tcttttgttt ctttttcttg caaacggtgg agagaagagg gaaatgaaga ttgaccatat 4500
 ctttttttat tatgttttaa catataatat taataattta atcataatta tactttggtg 4560
 aatgtgacag tgggatata cgtaaagtat ataacattat actttttgca agcagttggc 4620
 tggcttacc aagagtgatc aaattttgag ctgccttcaa tgagccaatt tttgcctata 4680
 atggataaag gcactttgtc tagttcaact gctcacagaa taatgttaa atgaaattaa 4740
 aacaaggtgg gctggtcaca ccaaaaaaat aaaatattaa tgtggtgttt ggtagtcga 4800
 ttttatatta gttccatggc ataccgcctg gaaaaggaaa attcatgtaa ataatatatt 4860
 tataaaaatt tatattaaaa ctaaatgaaa ttttagttga aatagttaag ttaaaaagag 4920
 taaaatttat aatttatcat aattttatag aaattgagac taaaaaacat taagagaata 4980
 aattctataa caaagacaat ttagtaaaaa tgtcctttta ggtaatttta agtactctta 5040
 accaaaataa aaaattcaa tcaaattaac caaataagat aatataacat acggaacatc 5100
 ccacttataa tcttacatcc ccgtaatctt attatgaaaa gtaatcttat attactogaa 5160
 tcaaatgctc tcacaaacta ttatctaaat aaagaaaaac acttaatttt tataacattt 5220
 tttttcatat atttgaaaga ttatattttg tatttttacg taaaaatatt tgacatagat 5280
 tgagcacctt tttaacataa ttccaccata agtcaattat gtagatgaga aattggtaca 5340
 aacaacgtgg agccaaatcc caccaaacca tctctcatcc tctcctataa aaggcttgct 5400
 acacatagac aacaatccac acaaaaatac acttaaaatt cttttctttc tatttggtta 5460
 accatgtgcg gaattggtg tgctatgcc caaagagacg ttgctgagat tttgtagag 5520
 ggtctgcgaa ggctagagta tagaggatat gactccgctg gtctggctgt cgttgatgct 5580
 gaggtcata tgacaaggct aagaaggta ggaaaggttc agatgcttc tcaggcagct 5640
 gaggaacatc cattgcatgg aggtactggt attgcacata ccagggtggc tactcatggg 5700
 gagccatcag aagttaatgc tcatccacat gtgagtgagc atatcgttgt agttcacaat 5760
 gggataattg aaaaccacga accattgagg gaagagtaa aggcaagagg atatactttt 5820
 gtgagtgaga ctgacactga ggttattgca catttagtga actgggaact caaacagggg 5880
 ggcacattgc gtgaggctgt gtaagagct attcctcaac ttagaggtgc atacggctact 5940

ES 2 700 377 T3

gttattatgg attcaagaca cccagatact ctccttgacg ctagatcagg tagtcccttg	6000
gtcataggac ttggaatggg tgaaaatfff atcgctagcg accaattggc cttattgcca	6060
gttacaagac gatttatfff ccttgaagag ggcgatattg ctgagattac tagaaggctc	6120
gtgaacatct ttgataagac tggcgcgtgag gttaaacgtc aggatatcga gtctaaccct	6180
caatacgatg ctggtgataa aggaatttac aggcattata tgcaaaagga aatttatgaa	6240
caaccaaagc ctatcaaaaa cacacttact ggccgtatff ctcatggaca ggctcgattta	6300
agcgagcttg gtcctaagtc agacgaactg ctatcaaaag ttgagcacat acagatactg	6360
gcacgaggaa ctatgtataa ttcaggaatg gtgtctagat actggttcga aagcttgcca	6420
ggtatacctt gtgatgtaga gatcgccttct gagtttaggt atagaaagtc tgctgtgcgt	6480
agaaatcatt taatgattac attatctcaa tccggagaaa cagcagatac actggctgga	6540
ttgaggctff ctaaggaact cggatatctg ggttcacttg ctatffgtaa tgtaccaggt	6600
tcctcattgg ttcgtgaatc agatctagca cttatgacaa atgcaggaac tgaaataggt	6660
gtggcaagta ccaaggctff cacaaaccaa ctgaccgtac tfftaatgff ggtagcaaaa	6720
ctcagtcgat taaaggggct agatgcatct atcgaacatg atattgffca cgggcttcaa	6780
gctctccctt caagaatga acaaatgctt tcacaagata agagaataga ggcattggct	6840
gaagatfftt cagacaaaaa tcacgcattg tffcttgac gtggcgatca atatccaatt	6900
gcattggaag gagctffgaa gttgaaagaa ataagttaca ttcacgcaga agcatatgca	6960
gctggagaac tcaagcatgg tcctffggca ctcacgcagc ctgacatgcc cgtgatcgt	7020
gtggctccta ataacgaact gctcgaaaag cttaaatcaa atatcgaaga ggttcgagct	7080
agaggaggtc agctffacgt tffctgctgaa caagatgctg gattcgtgtc aagcgataat	7140
atgcataata ttgaaatgcc tcacgffgaa gaagtgattg cacctatatt ttatacagtc	7200
ccattgcaac tffctagctta ccatgffgca cttattaaag gaactgatgt tgatcagcct	7260
agaaaacctag caaaatctgt aacagtcgaa taaacgcgtg gcgcgcccc gatccgcgff	7320
tgtgffttct gggffttctca cttaaagcgtc tgcgffttac tfftgattg ggtffggcgt	7380
ttagtagfftt gcggtagcgt tcttgttatg tgtaattacg cttffttctc ttgcttcagc	7440
agfftcggff gaaatataaa tcgaatcaag tffcactffa tcagcgtffg tffaaatff	7500
ggcattaaat tggtgaaaat tgcttcaatt ttgtatctaa atagaagaga caacatgaaa	7560
ttcgaactff gacctcaaat cttcgaacat ttatffctcgt atffcacgat ggatgaggat	7620
aacgaaaggg cggffctctat gtcgggaaa gffcccgtag aagacaatga gcaaagctac	7680
tgaaaacgag acacgacgtc gcattggtac ggatagaggt taaaccgact caatffctff	7740
attaagacat aaaccgattt tggfftaaagt gtaacagtg	7800

ES 2 700 377 T3

aaccggtaca agtttgattg agcaacttga tgacaaactt cagaattttg gttattgaaat 7860
gaaaaacata gtctaatacgt aaaaaatgta cagaagaaaa gctagagcag aacaaagatt 7920
ctatattctg gttccaatth atcatcgctt taacgtccct cagatttgat cggggaattc 7980
gatataatta cctgtttatc cctaaagctt attaatgttt gtcgaggaga aatatgagtc 8040
gaggcatgga tacactaagt tcccctgaag tgagcatgat ctttgatgct gagatgattc 8100
ccagagcaag atagtttgtg ctgcaagtga cacaattgta atgaaaccac cactcaacga 8160
atttacttgt ggctttgaca tgtcgtgtgc tctgtttgta tttgtgagtg ccggttggtg 8220
attatTTTTg ttaatgtgat tttaaaacct cttatgtaaa tagttacttt atctattgaa 8280
gtgtgttctt gtggtctata gtttctcaaa gggaaattaa aatgttgaca tcccatttac 8340
aattgataac ttggtataca caaactttgt aaatttggtg atatttatgg tcgaaagaag 8400
gcaataccca ttgtatgttc caatatcaat atcaatacga taacttgata atactaacat 8460
atgattgtca ttgtttttcc agtatcaata tacattaagc tactacaaaa ttagtataaa 8520
tcactatatt ataaatcttt ttcggttgta acttgtaatt cgtgggtttt taaaataaaa 8580
gcatgtgaaa attttcaaat aatgtgatgg cgcaatttta ttttccgagt tccaaaatat 8640
tgccgcttca ttaccctaata ttgtggcgcc acatgtaaaa caaaagacga ttcttagtgg 8700
ctatcactgc catcacgcgg atcactaata tgaaccgctc attaaaacag atcgacggtt 8760
tatacatcat tttattgtac acacggatcg atatctcagc cgttagattt aatatgcat 8820
ctgattgctc aaaaaataga ctctccgtct ttgcctataa aaacaatttc acatctttct 8880
caccocaaatc tactcttaac cgttcttctt cttctacaga catcaatttc tctcgactct 8940
agaggatcca agcttatcga tttcgaacct ctcaggcga gaacaggtat gatttgtttg 9000
taattagatc aggggttttag gtctttccat tactttttaa tgtttttct gttactgtct 9060
ccgcgatctg attttacgac aatagagttt cgggttttgt cccattccag ttgaaaata 9120
aaggtccgtc ttttaagttt gctggatcga taaacctgtg aagattgagt ctagtcgatt 9180
tattggatga tccattcttc atcgtttttt tcttgettcg aagttctgta taaccagatt 9240
tgtctgtgtg cgattgtcat tacctagccg tgtatcgaga actagggttt tcgagtcaat 9300
tttgccctt ttggttatat ctggttcgat aacgattcat ctggattagg gttttaagtg 9360
gtgacgttta gtattccaat ttcttcaaaa tttagttatg gataatgaaa atcccaatt 9420
gactgttcaa tttcttggtta aatgcgcaga tcacaatggc ttcgatctcc tctcagtcg 9480
cgaccgttag ccggaccgcc cctgctcagg ccaacatggt ggctccgttc accggcctta 9540
agtccaacgc cgccttcccc accaccaaga aggctaacga cttctccacc cttcccagca 9600
acggtggaag agttcaatgt atgcaggtgt ggccggccta cggcaacaag aagttcgaga 9660
cgctgtcgta cctgcgcgcg ctgtctatgg cgcccaccgt gatgatggcc tcgtcggcca 9720

ES 2 700 377 T3

ccgccgtcgc tccgttccag gggctcaagt ccaccgccag cctccccgtc gccccgccgt 9780
 cctccagaag cctcggcaac gtcagcaacg gcggaaggat ccggtgcatg gccggcgccg 9840
 aggagatcgt gctgcagccc atcaaggaga tctccggcac cgtcaagctg ccggggcca 9900
 agtcgctttc caaccggatc ctctactcg ccgccctgtc cgaggggaca acagtggttg 9960
 ataacctgct gaacagtgag gatgtccact acatgctcgg gcccttgagg actcttggtc 10020
 tctctgtcga agcggacaaa gctgccaaaa gagctgtagt tgttggtgtg ggtggaagt 10080
 tcccagttga ggatgctaaa gaggaagtgc agctcttctt ggggaatgct ggaatcgcaa 10140
 tgcggtcctt gacagcagct gttactgctg ctgggtgaaa tgcaacttac gtgcttgatg 10200
 gagtaccaag aatgagggag agaccattg gcgacttggg tgtcggattg aagcagcttg 10260
 gtgcagatgt tgattgtttc cttggcactg actgccacc tgttcgtgtc aatggaatcg 10320
 gagggctacc tgggtgcaag gtcaagctgt ctggctccat cagcagtcag tacttgagtg 10380
 ccttgctgat ggctgctcct ttggctcttg gggatgtgga gattgaaatc attgataaat 10440
 taatctccat tccgtacgtc gaaatgacat tgagattgat ggagcgtttt ggtgtgaaag 10500
 cagagcattc tgatagctgg gacagattct acattaaggg aggtcaaaaa tacaagtccc 10560
 ctaaaaatgc ctatgttgaa ggtgatgcct caagcgaag ctatttcttg gctggtgctg 10620
 caattactgg agggactgtg actgtggaag gttgtggcac caccagtttg cagggtgatg 10680
 tgaagtttgc tgaggtactg gagatgatgg gagcgaaggg tacatggacc gagactagcg 10740
 taactgttac tggcccaccg cgggagccat ttgggaggaa acacctcaag gcgattgatg 10800
 tcaacatgaa caagatgcct gatgtogcca tgactcttgc tgtggttgcc ctctttgccg 10860
 atggcccgac agccatcaga gacgtggctt cctggagagt aaaggagacc gagaggatgg 10920
 ttgcgatccg gacggagcta accaagctgg gagcatctgt tgaggaaggg ccggactact 10980
 gcatcatcac gccgccggag aagctgaacg tgacggcgat cgacacgtac gacgaccaca 11040
 ggatggcgat ggctttctcc cttgccgcct gtgccgaggt ccccgtcacc atccgggacc 11100
 ctgggtgcac ccggaagacc ttccccgact acttcgatgt gctgagcact ttcgtcaaga 11160
 attaagctct agaactagtg gatccccga tccgcgtttg tgttttctgg gtttctcact 11220
 taagcgtctg cgttttactt ttgtattggg tttggcgttt agtagtttgc ggtagcgttc 11280
 ttgttatgtg taattacgct tttcttctt gcttcagcag tttcggttga aatataaatc 11340
 gaatcaagtt tcactttatc agcgttgttt taaattttg cattaaattg gtgaaaattg 11400
 cttcaatfff gtatctaaat agaagagaca acatgaaatt cgacttttga cctcaaatct 11460
 tcgaacattt atttctgat ttcacgatgg atgaggataa cgaaagggcg gttcctatgt 11520
 ccgggaaagt tcccgtagaa gacaatgagc aaagctactg aaacgcggac acgacgtcgc 11580

ES 2 700 377 T3

attggtacgg	atatgagtta	aaccgactca	attcctttat	taagacataa	accgattttg	11640
gttaaagtgt	aacagtgagc	tgatataaaa	ccgaaacaaa	ccggtacaag	tttgattgag	11700
caacttgatg	acaaacttca	gaattttggt	tattgaatga	aatcatagt	ctaactgtaa	11760
aaaatgtaca	gaagaaaagc	tagagcagaa	caaagattct	atattctggt	tccaatttat	11820
catcgcttta	acgtccctca	gatttgatcg	ggaaaccaa	acgtcgtgag	acagtttgg	11880
taactataac	ggtcctaagg	tagcgatcga	ggcattacgg	cattacggca	ctcgcgaggg	11940
tccgaattcg	agcatggagc	catttacaat	tgaatatatc	ctgccgcgc		11990

REIVINDICACIONES

1. Una molécula de ADN recombinante, que comprende en orden:
 - a. una molécula de ADN que comprende una región de especificidad de fibra de un promotor del gen de proteína de transferencia de lípidos de algodón, que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 4, operativamente enlazada a
 - b. una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 500 nucleótidos consecutivos del extremo 3' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2.
2. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 1, en donde la molécula de ADN que comprende la región de especificidad para fibras está precedida por una molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 400 nucleótidos consecutivos del extremo 5' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2.
3. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 1 o 2, en donde la secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 500 nucleótidos consecutivos del extremo 3' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2 se selecciona del grupo que consiste en:
 - a. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 2 desde el nucleótido en la posición 427 hasta el nucleótido en la posición 922;
 - b. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 5 desde el nucleótido en la posición 911 hasta el nucleótido en la posición 1405;
 - c. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 6 desde el nucleótido en la posición 3638 hasta el nucleótido en la posición 4132; y
 - d. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 7 desde el nucleótido en la posición 1781 hasta el nucleótido en la posición 2276.
4. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 2 o 3, en donde la molécula de ADN que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una secuencia de nucleótidos de aproximadamente 400 nucleótidos consecutivos del extremo 5' del promotor FB8-like2 de SEQ ID N° 2 se selecciona del grupo que consiste en:
 - a. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 5 desde el nucleótido en la posición 61 hasta el nucleótido en la posición 475;
 - b. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 6 desde el nucleótido en la posición 2787 hasta el nucleótido en la posición 3202;
 - c. una secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 7 desde el nucleótido en la posición 1047 hasta el nucleótido en la posición 1464.
5. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 1, que comprende una secuencia de nucleótidos que tiene aproximadamente 90% de identidad de secuencia con la secuencia de nucleótidos de SEQ ID N° 1 desde el nucleótido en la posición 1 hasta el nucleótido en la posición 1053.
6. La molécula de ADN recombinante de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, que es un promotor o una región promotora que fomenta la expresión selectiva de una región codificante operativamente enlazada a la misma.
7. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 6, en donde la expresión selectiva de fibras está incrementada en comparación con un promotor FB8-like2.
8. Una molécula de ADN recombinante, que comprende la siguiente región de ADN operativamente enlazada
 - a. un promotor o una región promotora que comprende una molécula de ADN recombinante de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7;
 - b. un ADN que codifica una molécula de ARN biológicamente activa; y, opcionalmente,
 - c. una región de terminación de la transcripción o una región de terminación de la transcripción y de poliadenilación.

9. La molécula de ADN recombinante de la reivindicación 8, en donde dicho ADN que codifica una molécula de ARN biológicamente activa codifica una quitina sintasa 2 de *Neurospora crassa* o una glutamina:fructosa-6-fosfato amidotransferasa de *E. coli*.
- 5 10. Una célula de una planta de algodón, que comprende una molécula de ADN recombinante de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 o una molécula de ADN recombinante de la reivindicación 8 o 9.
11. Una planta de algodón que comprende una molécula de ADN recombinante de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 o una molécula de ADN recombinante de la reivindicación 8 o 9.
- 10 12. Un método para producir una célula de planta de algodón o planta transgénica, que comprende proporcionar una célula de una planta de algodón con una molécula de ADN de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7 o una molécula de ADN recombinante de la reivindicación 8 o 9 y, opcionalmente, regenerar una planta de algodón a partir de dicha célula de planta de algodón.
13. Un método para aumentar la selectividad de la expresión de un ARN biológicamente activo en células de fibra de una planta de algodón, que comprende proporcionar células de dicha planta de algodón con una molécula de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 8 o 9.
- 15 14. Un método para la expresión selectiva de un ARN biológicamente en una planta de algodón, que comprende proporcionar células de dicha planta de algodón con una molécula de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 8 o 9.
15. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 12 a 14, que comprende la etapa adicional de recolectar fibras de dicha planta de algodón.
- 20 16. Fibras de algodón, que comprenden la molécula de ADN recombinante de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7 o la molécula de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 8 o 9.
17. Uso de una molécula de ADN recombinante de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7 o la molécula de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 8 o 9 para expresar un ARN biológicamente activo selectivamente en células de fibra de una planta de algodón.

AAGCTTAAAAATCACTTATCAATTTCAAAAAACAGAGGTTAGCCGAATGCTAAGAGCTTAAA
 AATGGCTTCTTTTGTCTTTTCTTTGCAACCGGTGGAGAGAAAGGGAATGAAGATTG
 ACCATATCTTTTATTAATGTTTAAACATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
 TTTGGTGAATGTGACAGTGGGATATACGTAAGTATAAACAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
 AGTTGGCTGGCTACCCCAAGAGTGATCAAAATTTTGAGCTGCCCTTCAATGAGCCAAATTTT
 GCCTATAATGGATAAAGGCACCTTTGTCTAGTTCAACTGCTCACAGAATAAATGTTAAAATG
 AAATTAACAAGGTGGCTGTCACACCAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
 TAGTCG**ATTTTATAATTAGTTCCATGGCATAACCGCCCTGGAAAAGGAAAATTCAATGTAATA**
ATAATTTAAAAATTTATATAATAAACTAAAATGAAAATTTTAGTTGAAAATAGTTAAGTTA
AAAAGAGTAAAAATTTATAATTTATCATATAATTTTATAGAAAATTTGAGACTAAAAAACATTA
 GAGAAATAATCTATAACAAGACAAATTTAGTAAAAATGTCCTTTTAGGTAATTTTAAGT
 ACTCTTAACCAAAATAAAAAATTCAAAATCAAAATTAACCAAAATAAGATAAATAAACAATACG
 GAACATCCCACCTTATAATCTTACATCCCCTGTAATCTTATTAAGAAAAGTAACTTTATAT
 ACTCGAATCAAAATGCTCTCACAAAACATAATATCTAAAATAAAGAAAACACACTTAATTTTAT
 AACATTTTTCATATATTTGAAAAGATTATATTTTGTATTTTACGTAAAAATAATTGA
 CATAGATTGAGCACCTTTTAAACATAAATCCACCATAAGTCAATATGTAGATGAGAAAT
 TGGTACAAACAACGTGGAGCCAAATCCCACCAACCATCTCTCATCCTCTCCTATAAAAG
 GCTTGCTACACATAGACAACAATCCCACACAAAAATACACTTAAAAATTCCTTTTCTTCTAT
 TTGGTTAACC

Figura 1

FB8-like 2 1 AAGCTTAAAAATCACCATTATCAATTTCAAAAACAAGAGGTAGCCGAAATGCTAAGAGCTTAAAAATGGCTTCT
 FB8-like 2_FSR 1 AAGCTTAAAAATCACCATTATCAAAATTCAAAAACAAGAGGTAGCCGAAATGCTAAGAGCTTAAAAATGGCTTCT
 FB8-like 2 71 TTTGTTTCTTTTCTTGCAAAACGGTGGAGAGAGGGGAAATGAAGATGACCATAATCTTTTTTTATTAT
 FB8-like 2_FSR 71 TTTGTTTCTTTTCTTGCAAAACGGTGGAGAGAGGGGAAATGAAGATGACCATAATCTTTTTTTATTAT
 FB8-like 2 141 GTTTTAACATATAATTAATAATTAAATCAATAATTATACTTTTGGTGAATGTGACAGTGGGGATATACGT
 FB8-like 2_FSR 141 GTTTTAACATATAATTAATAATTAAATCAATAATTATACTTTTGGTGAATGTGACAGTGGGGATATACGT
 FB8-like 2 211 AAAGTATATAACAATTATACTTTTGCAAAGCAGTTGGCTGGTCTACCCAAAGAGTGATCAAAATTTTGAGCTG
 FB8-like 2_FSR 211 AAAGTATATAACAATTATACTTTTGCAAAGCAGTTGGCTGGTCTACCCAAAGAGTGATCAAAATTTTGAGCTG
 FB8-like 2 281 CCTTCAATGAGCCAAATTTTGCCATAAATGGATAAAGGCACCTTTGTCTAGTTCAACTGCTCACAGAATAA
 FB8-like 2_FSR 281 CCTTCAATGAGCCAAATTTTGCCATAAATGGATAAAGGCACCTTTGTCTAGTTCAACTGCTCACAGAATAA
 FB8-like 2 351 TGTAAAAATGAAAATTAATAAACAAGGTGGGTGGTGCACACCAAAAAATAAATAATAATGTTGGTGGTTGGT
 FB8-like 2_FSR 351 TGTAAAAATGAAAATTAATAAACAAGGTGGGTGGTGCACACCAAAAAATAAATAATAATGTTGGTGGTTGGT
 FB8-like 2 421 TAGTCG-----
 FB8-like 2_FSR 421 TAGTCGATTTATATTAGTTCCAATGGCATACCGCTGGAAAAGGAAAATTCATGTAATAATATATTTAT
 FB8-like 2 427 -----AAT
 FB8-like 2_FSR 491 **AAAAATTTATTAAAACATAAATGAAATTTTAGTTGAAAATAGTTAAAAGAGTAAAATTTATAAT**
 FB8-like 2 430 TTATCATAAATTTTATAGAAAATTTGAGACTAAAAAACATTAAGAGAAATAAATTCATATAACAAAAGACAAATTA
 FB8-like 2_FSR 561 TTATCATAAATTTTATAGAAAATTTGAGACTAAAAAACATTAAGAGAAATAAATTCATATAACAAAAGACAAATTA
 FB8-like 2 500 GTAAAAAATGTCCTTTTAGGTAATTTTAAGTACTCTTAACCAAAAATAAAAAATTCAAAATCAAATTAACCAA
 FB8-like 2_FSR 631 GTAAAAAATGTCCTTTTAGGTAATTTTAAGTACTCTTAACCAAAAATAAAAAATTCAAAATCAAATTAACCAA
 FB8-like 2 570 ATAAGATAATATAACATACGGAACATCCCCTTATAATCTTACATCCCCTGTAATCTTATTATGAAAAAGTA
 FB8-like 2_FSR 701 ATAAGATAATATAACATACGGAACATCCCCTTATAATCTTACATCCCCTGTAATCTTATTATGAAAAAGTA

Figura 2

FB8-like 2 640 ATCTTATATTACTGGAATCAAAATGCTCTCACAAACTATTATCTAAATAAAGAAAACACTTAATTTTTAT
 FB8-like 2_FSR 771 ATCTTATATTACTGGAATCAAAATGCTCTCACAAACTATTATCTAAATAAAGAAAACACTTAATTTTTAT
 FB8-like 2 710 AACATTTTTTTCATATATTGAAAGATTATATTTTGTATTTTTACGTAAAAAATTTTGACATAGATTGA
 FB8-like 2_FSR 841 AACATTTTTTTCATATATTGAAAGATTATATTTTGTATTTTTACGTAAAAAATTTTGACATAGATTGA
 FB8-like 2 780 GCACCTTTTTAAACATAATCCACCATAAAGTCAATPATGTAGATGAGAAATTTGGTACAAAACCGTGGAGC
 FB8-like 2_FSR 911 GCACCTTTTTAAACATAATCCACCATAAAGTCAATPATGTAGATGAGAAATTTGGTACAAAACCGTGGAGC
 FB8-like 2 850 CAAATCCCACCAACCATCTCTCATCCTCTCCTATAAAAAGGCTTGTACACATAGACAACAATCCACACA
 FB8-like 2_FSR 981 CAAATCCCACCAACCATCTCTCATCCTCTCCTATAAAAAGGCTTGTACACATAGACAACAATCCACACA
 FB8-like 2 920 AAAATACACTTAAAAATTTCTTTCTTTCTATTTTGGTTAACC
 FB8-like 2_FSR 1051 AAAATACACTTAAAAATTTCTTTCTTTCTATTTTGGTTAACC

Figura 2 (continúa)

4-4 (Fplate)	2700 atcaaat
Fplate2	956 atcaaat
Fb8-like-1	1 -----catgat
Fb8-like-2	-----
4-4 (Fplate)	2769 aaattaca
Fplate2	1026 aaattaca
Fb8-like-1	43 aaattaca
Fb8-like-2	1 -----aagctt
4-4 (Fplate)	2836 aagagctt
Fplate2	1096 aagagctt
Fb8-like-1	110 aagagctt
Fb8-like-2	49 aagagctt
4-4 (Fplate)	2906 gaccata
Fplate2	1166 gaccata
Fb8-like-1	180 gaccata
Fb8-like-2	119 gaccata
4-4 (Fplate)	2974 tgtgacag
Fplate2	1234 tgtgacag
Fb8-like-1	248 tgtgacag
Fb8-like-2	189 tgtgacag
4-4 (Fplate)	3044 agagtgat
Fplate2	1303 agagtgat
Fb8-like-1	317 agagtgat
Fb8-like-2	258 agagtgat

Figura 3


```

3114 agttcaactgctcacagagaataatgttaaaatgaattaaaaaaggtggcctggtcacacacaca---aa
1373 agttcaactgctcacagagaataatgttaaaatgaattaaaaaaggtggcctggtcacacacacacaaaa
387 agttcaactgctcacagagaataatgttaaaatgaattaaaaaaggtggcctggtcacacacaca---aa
328 agttcaactgctcacagagaataatgttaaaatgaattaaaaaaggtggcctggtcacacacacac-aaaaaaat
3181 aaaaaactaatgt-tggttggtgaatatttataattacoggaatgtaaatattatattatatttaaaaaataaaattat
1443 aaaaaactaatgt-tggttggtgaatatttataattacoggaatgtaaatgttatattttaaaaataaaattat
454 aaaaaactaatgt-tggttggtgaatatttataattacoggaatgtaaatattatattttaaaaataaaattat
398 aaaaataatggtggttgggtt-----agtcga-----
3250 gttatttagatttcttaataattttggagcattccatactataatttcgta-acataaatataaaa-atagt
1512 gttatttagatttcttaataatttt-gagcattccatactataatctcgtatcacataaatataaaaatagtagt
523 gttatttagatttcttaataattttg-agcattccatactataatttcgtatcacataaatataaaaatagtagt
-----
3319 aatataaagtgtaattaaactttaaattacaagcacaataatataaaatttgaatcaatattttattct
1581 aatataaagtgtaattaaactttaaattacaagcacaataatataaaatttgaatcaatattttattct
592 aatataaagtgtaattaaactttaaattacaagcacaataatataaaatttgaatcaatattttattct
-----
3389 attattttaatttaatttagtctatttttcaaaaaaaattttaaaatcaaaaaataaaatattttcctta
1651 attattttaatttaatttagtctatttttcaaaaaaaattttaaaatcaaaaaataaaatattttcctta
662 attattttaatttaatttagtctatttttcaaaaaaaattttaaaatcaaaaaataaaatattttcctta
-----
3459 atgttgaascaactcatgtttatactcacaattataagttattatattacccttgatgattattattag
1721 a-----
732 atgttgaascaactcatgtttatactcacaattataagttattatattacccttgatgattattattag
-----

```

Figura 3 (continua)

```

3529 tatattaattctgattataaattatggtgggatacaaatcgctttccactaaatattttaactatgatgttat
1722 -----tattattaat
802 tatattaattctgattataaattatggtgggatacaaatcgctttccactaaatattttaactatgatgttat
-----
3599 aaatttatttcaacatcgtatatatttacttattataacataa-----ttatcataatttttatgga
1732 aaatttatttcaacatcatalatatttacttattataacataaattataaataattatcataattttatgga
872 aaatttatttcaacatcgtatatatttacttattataacataa-----ttatcataatttttatgga
428 --a-----ttatcataatttttatgga
-----
3659 aattgagaccaagaacattaaagagaacaattctataacaaagacaatttagaaaaaatgtactttta
1802 aattgagaccaagaacattaaagagaacaattctataacaaagacaatttag-aaaaatgtactttta
932 aattgagaccaagaacattaaagagaacaattctataacaaagacaatttagaaaaaatgtactttta
448 aattgagactaaaaaacattaaagagaataaattctataacaaagacaatttagtaaaaa-tgctcctttta
-----
3729 ggtaatttttaagtactctttaacccaacacaacaaaattcaaatcaaatggaactaaataagataataacat
1871 ggtaatttttaagtactctttaacccaacacaacaaaattcaaatcaaatggaactaaataagataataacat
1002 ggtaatttttaagtactctttaacccaacacaacaaaattcaaatcaaatggaactaaataagataataacat
517 ggtaatttttaagtactctttaacccaacacaacaaaattcaaatcaaatggaactaaataagataataacat
-----
3799 acggaacatcttacttctgttaattcttaccattcccataattttattatgaaaaataatcttatactactcgaa
1941 acggaatcttacttctgttaattcttaccattcccgtaatcatattatgaaaaagtaataattatctactcgag
1072 acggaacatcttacttctgttaattcttaccattcccataattttattatgaaaaataatcttatactactcgaa
587 acggaacatccccacttataatcttaccatccccgttaattttattatgaaaaagtaataattatctactactcgaa
-----
3869 ctaaatggtctcacaacatttattatctaaaataaagaaaaaac--acttaatttttataaca--ttttttcctat
2011 ccaaatggtctcacaacatttattatctaaaataaagaaaaaac--acttaatttttataaca--ttttttcctat
1142 ctaaatggtctcacaacatttattatctaaaataaagaaaaaac--acttaatttttataaca--ttttttcctat
657 tcaaatggtctcacaacatttattatctaaaataaagaaaaaac--acttaatttttataacaatttttttctat
-----

```

Figura 3 (continúa)

```

4-4 (FbLate)
FbLate2      3935 atatttgaagaattatattttgtatatattttgatatatttaacgttaaaaaatatttgacatagattgagcaccttctttaacat
Fb8-like-1   2079 atatttgaagaattatattttgtatatattttacgttaaaaaatatttgacatagattgacacaccttctttaacat
Fb8-like-2   1208 atatttgaagaattatattttgtatatattttacgttaaaaaatatttgacatagattgagcaccttctttaacat
          725 atatttgaagaattatattttgtatatattttttacgttaaaaaatatttgacatagattgagcaccttctttaacat
4-4 (FbLate)
FbLate2      4005 aatccccaccataagtcgaatgatgtagatgagaattggtacaacaacaacgtggggccaaaatccccacccaaac
Fb8-like-1   2149 aatccccaccataagtcgaatgatgtagatgagaattggtacaacaacaacgtggggccaaaatccccacccaaac
Fb8-like-2   1278 aatccccaccataagtcgaatgatgtagatgagaattggtacaacaacaacgtggggccaaaatccccacccaaac
          795 aatccccaccataagtcgaatgatgtagatgagaattggtacaacaacaacgtggggccaaaatccccacccaaac
4-4 (FbLate)
FbLate2      4075 catctctcattctctctataaaaaggcttctacacatagacacaacaatccccacacaatacacag-----
Fb8-like-1   2219 catctctcattctctctataaaaaggcttctacacatagacacaacaatccccacacaatacacactcaaaa
Fb8-like-2   1348 catctctcattctctctataaaaaggcttctacacatagacacaacaatccccacacaatacacag-----
          865 catctctcattctctctataaaaaggcttctacacatagacacaacaatccccacacaatacacacttaaaa
4-4 (FbLate)
FbLate2      4140 ttcttttcttctctattt-gattaaccatg
Fb8-like-1   2289 ttctttgctttgtatttcggttaaacctg
Fb8-like-2   1413 ttcttttcttctctattt-gattaacc---
          935 ttcttttcttctctatttg-ttaacc---

```

Figura 3 (continuación)