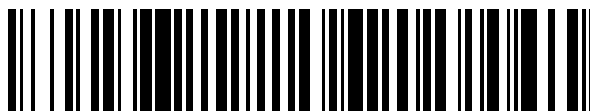


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 702 562**

51 Int. Cl.:

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

A01H 5/00 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **24.02.2012** **PCT/EP2012/053208**

87 Fecha y número de publicación internacional: **07.09.2012** **WO12116938**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.02.2012** **E 12705863 (4)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **03.10.2018** **EP 2681234**

54 Título: **Genes que proporcionan resistencia al oídio en Cucumis melo**

30 Prioridad:

01.03.2011 WO PCT/EP2011/053053

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

01.03.2019

73 Titular/es:

ENZA ZADEN BEHEER B.V. (50.0%)

Haling 1E

1602 DB Enkhuizen, NL y

KEYGENE N.V. (50.0%)

72 Inventor/es:

DIERGAARDE, PAUL JOHAN;

VAN ENCKEVORT, LEONORA JOHANNA

GERTRUDA;

POSTHUMA, KARIN INGEBORG y

PRINS, MARINUS WILLEM

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 702 562 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Genes que proporcionan resistencia al oídio en *Cucumis melo*

La presente invención se refiere a plantas que comprenden un gen que confiere resistencia al oídio (también denominado mildiu pulverulento) y a semillas, embriones u otro de sus materiales de propagación.

- 5 El oídio es una de las principales enfermedades fúngicas conocidas en plantas pertenecientes a la familia *Cucumis*, tal como *Cucumis melo* (melón), tanto en el campo como en invernadero.

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

15 Las hojas gravemente afectadas pueden llegar a secarse y hacerse quebradizas, o pueden marchitarse y morir. Debido a la infección, los frutos pueden ser de menor tamaño, en menor número, menos capaces de ser almacenados satisfactoriamente, escaldados por el sol, incompletamente maduros y con un mal sabor. También puede predisponer a las plantas a ser más vulnerables a otros patógenos. Finalmente, la planta puede morir.

El oídio puede ser causado, entre otros, por el hongo *Sphaerotheca fuliginea* (renombrado recientemente: *Podosphaera xanthii* y también designado *Oidium erysipoides*) y/o *Erysiphe cichoracearum* DC (renombrado recientemente: *Golovinomyces cichoracearum* y también designado *Oidium chrysanthemi*).

- 20 Panstruga, 2005, *Plant Mol. Biol.* 59: 485-500, describe nuevos dominios peptídicos conservados por comparación de secuencias ortólogas dentro de familias multiproteínicas de plantas utilizando alineamientos de secuencias de proteínas MLO heptahélicas de *Arabidopsis*.

Panstruga, 2005, *Biochem. Soc. Trans.* 33: 389-393, describe proteínas MLO serpentinas de plantas como portales de entrada para los hongos de oídio.

- 25 Teniendo en cuenta la importancia económica de las especies de plantas *Cucumis*, tal como el melón, existe una necesidad continua en la técnica de proporcionar genes que confieran resistencia al oídio.

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

- 30 De acuerdo con la presente invención, este objeto, entre otros objetos, lo cumple un gen que confiere resistencia al oídio que comprende la planta de *Cucumis melo* como se define en la reivindicación 1 adjunta.

Específicamente, este objeto de la presente invención, entre otros objetos, lo cumple un gen que confiere resistencia al oídio que comprende la planta *Cucumis melo*, en donde la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia es la SEQ ID No. 2 y en donde está alterado dicho gen que confiere resistencia.

- 35 La expresión "gen alterado que confiere resistencia" pretende indicar un gen que proporciona una susceptibilidad reducida, o incluso ausente, al oídio causado por hongos que se manifiestan por manchas pulverulentas en las hojas y tallos, tales como hongos que pertenecen al orden *Erysiphales*, tales como *Sphaerotheca fuliginea* (renombrado recientemente: *Podosphaera xanthii*, también designado *Oidium erysipoides*) y/o *Erysiphe cichoracearum* DC.

40 El gen alterado que confiere resistencia es un gen mutado. La mutación del gen puede a través de diferentes mecanismos dar lugar a una alteración. Por ejemplo, las mutaciones en proteínas que codifican secuencias de DNA pueden conducir a proteínas mutadas, truncadas o no funcionales. Las mutaciones en las secuencias de DNA no codificantes pueden causar empalme, traducción o tráfico de proteínas alternativos. Alternativamente, una mutación que da como resultado una actividad transcripcional alterada de un gen, que determina la cantidad de mRNA disponible para la traducción a proteínas, puede dar como resultado niveles bajos, o ausencia, de proteínas. Además, la alteración de la función génica puede ser causada después de la traducción, es decir, a nivel de

45 proteína. La alteración de acuerdo con la presente invención también se indica observando una resistencia al oídio en una planta de *Cucumis melo* que comprende un gen que se observa que está mutado a nivel de la proteína en comparación con la SEQ ID No. 2 proporcionada en la presente memoria o sin expresión de la SEQ ID No. 2. proporcionada en la presente memoria.

- 50 La alteración también se indica en la presente memoria como una proteína no funcional. Aunque la función del gen de la presente invención aún no está identificada, una proteína no funcional se puede determinar fácilmente estableciendo la resistencia al oídio (no funcional) o la susceptibilidad al oídio (funcional) en una planta. Una planta con resistencia al oídio (no funcional) se indica por que comprende un gen que se observa que está mutado a nivel

de la proteína en comparación con la SEQ ID No. 2 proporcionada en la presente memoria o sin expresión de la SEQ ID No. 2 proporcionada en la presente memoria.

Las proteínas funcionales y no funcionales también se pueden determinar utilizando experimentos de complementación. Por ejemplo, la transformación de una planta de *Cucumis melo* resistente al oídio con el gen o proteína descritos dará lugar a una planta de *Cucumis melo* susceptible al oídio cuando el gen o la proteína sea funcional, mientras que la planta de *Cucumis melo* seguirá siendo resistente cuando el gen o la proteína sea no funcional.

De acuerdo con la presente invención, en la presente planta de *Cucumis melo* que comprende un gen que confiere resistencia al oídio, se proporciona resistencia al oídio cuando el gen está alterado. La alteración puede estar indicada por la ausencia o disminución de una proteína funcional, o no silente, identificada en la presente memoria como SEQ ID No. 2. En la técnica, se conocen muchos mecanismos que dan como resultado la alteración de un gen a nivel de la transcripción, traducción o proteína.

Por ejemplo, la alteración a nivel de la transcripción puede ser el resultado de una o más mutaciones en las secuencias de regulación de la transcripción, tales como promotores, potenciadores y secuencias de iniciación, terminación o empalme de intrones. Estas secuencias están situadas generalmente en 5', 3', o dentro de la secuencia codificadora representada por la SEQ ID No. 1. La alteración también puede ser provocada por una delección, transposición o inserción en el gen.

La alteración a nivel de la traducción puede ser provocada por un codón de parada prematuro u otros mecanismos controladores de RNA -> proteína (tal como el empalme) o modificaciones postraduccionales que influyen, por ejemplo, en el plegamiento de proteínas o en el tráfico celular.

La alteración a nivel de la proteína puede ser provocada por interacciones proteína-proteína truncadas, mal plegadas o alteradas.

Independientemente del mecanismo subyacente, la alteración de acuerdo con la presente invención está indicada por una disminución o ausencia de una proteína funcional de acuerdo con la SEQ ID No. 2.

La alteración de acuerdo con la presente invención es provocada por una o más mutaciones en los presentes genes que dan como resultado la ausencia de un producto de expresión de proteínas. Como se indica, estas mutaciones pueden causar una expresión defectuosa a nivel de la transcripción o la traducción.

La alteración de acuerdo con la presente invención es provocada también por una o más mutaciones en el presente gen lo que da como resultado un producto de expresión de proteínas no funcionales. Un producto de expresión de proteínas no funcionales puede ser causado, por ejemplo, por codones de parada prematuros, traducción o procesamiento postraduccional incorrectos o por inserciones, delecciones o cambios de aminoácidos.

Se describe, utilizando métodos de biología molecular, una alteración realizada por el silenciamiento génico, por ejemplo, utilizando siRNA o desactivación. También se contemplan métodos basados en EMS u otros compuestos químicos mutagénicos capaces de cambiar aleatoriamente ácidos nucleicos en otros nucleótidos. La detección de dichas mutaciones implica generalmente análisis de curvas de fusión de alta sensibilidad o procedimientos TILLING basados en la secuenciación de nucleótidos.

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

La identidad de secuencias como se usa en la presente invención se define como el número de nucleótidos, o aminoácidos, alineados consecutivos idénticos, en la longitud completa de las presentes secuencias dividido por el número de nucleótidos, o aminoácidos, de la longitud completa de las presentes secuencias y multiplicado por 100.

Por ejemplo, una secuencia con una identidad del 80% con la SEQ ID No. 1 comprende en la longitud total de 1713 nucleótidos de la SEQ ID No. 1, 1370 o 1371 nucleótidos consecuentes alineados idénticos, es decir, $1370/1713 * 100 = 80\%$.

La presente invención se refiere a plantas de *Cucumis melo* que comprenden en su genoma un gen alterado que confiere resistencia al oídio, es decir, plantas que no expresan una proteína funcional de la SEQ ID No. 2.

En general, y preferiblemente, las plantas de la presente invención serán homocigóticas para el presente gen alterado, es decir, que comprenderán dos genes alterados que confieren resistencia al oídio, en donde la secuencia de cDNA transcrita a partir de dicho gen que confiere resistencia es la SEQ ID No. 1.

Teniendo en cuenta los beneficios de las plantas de la presente invención, es decir, que proporcionan resistencia al oídio en plantas de melón, la invención se refiere también a semillas, partes de plantas o material de propagación capaces de proporcionar las plantas de melón de la presente invención resistentes al oídio, cuyas semillas, partes de

plantas o material de propagación comprenden un gen alterado que confiere resistencia al oídio, en el que la secuencia de cDNA transcrita a partir de dicho gen que confiere resistencia es la SEQ ID No. 1.

Se describe el uso del gen de la presente invención que confiere resistencia al oídio o la secuencia aislada de aminoácidos de la presente invención para proporcionar plantas de melón (*Cucumis melo*) resistentes al oídio. Como se indicó, el presente uso se basa en la alteración, ya sea a nivel de expresión o de proteína, del gen descrito en la presente memoria que se puede determinar fácilmente por las secuencias de cDNA y de aminoácidos actualmente proporcionadas, opcionalmente en combinación con la determinación de la presencia o ausencia de resistencia al oídio y/o en combinación con ensayos de complementación.

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

Figura 1: muestra los resultados del ensayo de complementación para 35S::CmKIP1_cDNA (denominado 35S::CmMlo1_cDNA) que dio como resultado una ganancia de función para la vía de susceptibilidad al oídio. Se muestra el porcentaje de superficie foliar enferma 12 días después de la inoculación para *Arabidopsis WT* (de tipo natural) y los mutantes *Atmlo2/6* y *Atmlo2/6/12*, representando los datos la media $\pm$ s.d. de 2 individuos. Para *Atmlo2* + 35S::CmKIP1_cDNA, *Atmlo2/6* + 35S::CmKIP1_cDNA y *Atmlo2/6/12* + 35S::CmKIP1_cDNA los datos representan la media $\pm$ s.d. de 4, 4 y 9 transformantes primarios respectivamente;

Figura 2: muestra los resultados del ensayo de complementación para 35S::CmKIP1_cDNA (denominado 35S::CmMlo1_cDNA) que dio como resultado una ganancia de función para la vía de susceptibilidad al oídio. El nivel de resistencia observado para los mutantes *Atmlo2/6* y *Atmlo2/6/12* y para los transformantes primarios *Atmlo2* + 35S::35S::CmKIP1_cDNA, *Atmlo2/6* + 35S::35S::CmKIP1_cDNA y *Atmlo2/6/12* + 35S::35S::CmKIP1_cDNA se presenta en comparación con el fenotipo de la *Arabidopsis WT* (de tipo natural);

Figura 3: muestra la complementación de *Atmlo2/6/12* con el 35S::CmKIP2_cDNA que da como resultado la ganancia de función para la vía de susceptibilidad al oídio. (A) Fenotipo de interacción susceptible de *G. orontii* en hojas de *Columbia WT* (de tipo natural); desarrollo de hifas transparentes y conidióforos. (B) Fenotipo de interacción resistente de *G. orontii* en hojas de *Atmlo2/6/12*; las esporas en la superficie foliar han germinado, pero no se observa ningún desarrollo adicional. (C, D, E) Fenotipos de interacción intermedios observados en *Atmlo2/6/12* después de la complementación con 35S::CmKIP2_cDNA; en algunos transformantes primarios las esporas germinadas no se desarrollan más (C), en otros transformantes primarios se observa la germinación de esporas, se desarrollan hifas y se forman conidióforos (D, E).

Ejemplo Complementación de plantas mutantes *Atmlo* de *Arabidopsis thaliana*

Material y métodos

Se clonó el cDNA de longitud completa de genes *CmKIP* de melón en pBINPLUS o vectores Gateway bajo el control de un promotor 35S utilizando técnicas de clonación estándares.

Con el fin de analizar la función en planta de los genes identificados de resistencia al oídio de melón, por medio del Nottingham Arabidopsis Stock Centre (University of Nottingham, Sutton Bonington Campus, Loughborough, LE12 5RD, Reino Unido, <http://arabidopsis.info/>), se obtuvieron semillas de la línea mutante ecotipo *Columbia* (Col) de *Arabidopsis thaliana* NACS ID N9707 (mutante sencillo *mlo2-5*), N9710 (mutante doble *mlo2-5*, *mlo6-2*) y N9715 (mutante triple *mlo2-5*, *mlo6-2*, *mlo12-1*).

Las semillas se cultivaron en tierra, se extrajo el DNA y se usaron ensayos de PCR con cebadores que flanqueaban las mutaciones (**Tabla 1**) para cribar plantas de 4 semanas para detectar la presencia de las mutaciones como se describe en The Arabidopsis Information Resource (TAIR), <http://www.arabidopsis.org/index.jsp>.

Tabla 1: Pares de cebadores utilizados para identificar el gen WT (de tipo natural) frente al homólogo Mlo mutado en líneas mutantes de *Arabidopsis* (5' a 3').

	Gen WT del par de cebadores		Gen mutado del par de cebadores	
Mlo2-5	ACGTGGAAGTC GTGGGAGGAAG A	ATTCGTTACCG GGAGCAAAATG C	TTCATAACCAA TCTCGATACAC	ACGTGGAAGTC GTGGGAGGAAG A
Mlo6-2			TTCATAACCAA TCTCGATACAC	ACAAGAACTGG TTTCATTTAGC A
Mlo12-1	TGGAGCAAGTC TACCTTTACCC TCTGG	TCAGTGGGCTG CATTACACAA A	GGTGCAGCAAA ACCCACACTTT TACTTC	TGGAGCAAGTC TACCTTTACCC TCTGG

Se usó el método de inmersión floral para transformar el ecotipo *Columbia* y los mutantes sencillo, doble y triple de *Arabidopsis thaliana* con construcciones que albergan los supuestos ortólogos Mlo de melón. Después de la selección de las plantas transformantes en kanamicina, se realizaron análisis para identificar los fenotipos resistentes frente a susceptibles en la infección por oídio (*Golovinomyces orontii*).

El Dr. R. Panstruga (MPI, Colonia, Alemania) proporcionó amablemente hojas del ecotipo *Columbia* de *Arabidopsis thaliana* infectadas con *Golovinomyces orontii*. Para mantener un cultivo de *Golovinomyces orontii* que crezca de forma natural, se utilizaron hojas con *Golovinomyces orontii* esporulante cada 10-14 días para infectar por frotación hojas recientes de ecotipo *Columbia* de *Arabidopsis thaliana*. Además, los mutantes mlo sencillo, doble y triple y sus progenies, complementados con los genes candidatos Mlo de melón, se inocularon con *Golovinomyces orontii* esporulante con el fin de confirmar los niveles de susceptibilidad al oídio.

Resultados

Para confirmar la implicación predicha de los genes *CmKIP* identificados en la susceptibilidad al oídio, se expresaron secuencias de cDNA de longitud completa de *CmKIP1*, *CmKIP2*, *CmKIP3* y *CmKIP4* en *Arabidopsis* usando el promotor 35S ubicuo. Además, también se expresó un fragmento genómico de longitud completa para *CmKIP2* usando el promotor 35S.

Las construcciones 35S::CmKIP1_cDNA, 35S::CmKIP2_cDNA, 35S::CmKIP2_genómica, 35S::CmKIP3_cDNA y 35S::CmKIP4_cDNA se transformaron en la línea mutante de *Arabidopsis* NACS ID N9707 (mutante sencillo mlo2-5), N9710 (mutante doble mlo2-5, mlo6-2) y N9715 (mutante triple mlo2-5, mlo6-2, mlo12-1). Además, para examinar los efectos epistáticos de la sobreexpresión de *CmKIP* en *Arabidopsis*, se transformaron también con la misma serie de construcciones plantas del tipo *Columbia* WT.

La **Figura 1** y la **Figura 2** muestran los resultados obtenidos para el ensayo de complementación para la construcción 35S::KIP1_cDNA. El mutante Atmlo2 de *Arabidopsis* muestra una susceptibilidad reducida en comparación con *Columbia* WT (Col-0) (datos no mostrados). El mutante doble Atmlo2/6 tiene una susceptibilidad incluso más reducida a *Golovinomyces orontii*. El mutante triple Atmlo2/6/12 es completamente resistente a la infección por *Golovinomyces orontii*.

Los transformantes primarios de Atmlo2/6/12 con las construcciones 35S::CmKIP1_cDNA retuvieron la susceptibilidad a la infección por *Golovinomyces orontii* a los niveles de susceptibilidad en comparación con el mutante doble Atmlo2/6. La complementación del mutante doble Atmlo2/6 de *Arabidopsis* con la construcción 35S::CmKIP1 dio como resultado plantas con niveles de infección por *Golovinomyces orontii* próximos a los de la planta natural (WT).

Se detectó un desarrollo rápido y fuerte del hongo que daba como resultado hifas esporulantes. La complementación del mutante triple Atmlo2/6/12 de *Arabidopsis* con la construcción 35S::CmKIP1_cDNA dio como resultado infecciones por oídio claras y visibles en hojas inoculadas en la mayoría de los transformantes primarios analizados. La retención de la susceptibilidad a *Golovinomyces orontii* del mutante triple de *Arabidopsis* que había demostrado previamente ser totalmente resistente a *Golovinomyces orontii* indica que el gen *CmKIP1* identificado es capaz de restablecer la vía de susceptibilidad al oídio en *Arabidopsis*. Con este resultado, los autores de la presente invención demostraron que era posible identificar *CmKIP1*, un gen funcional en la vía de susceptibilidad al oídio.

La **Figura 3** muestra los resultados obtenidos en el ensayo de complementación para la construcción 35S::CmKIP2_cDNA. Los transformantes primarios de Atmlo2/6/12 con las construcciones 35S::CmKIP2_cDNA hacen que retengan en algunos casos los síntomas menores de susceptibilidad a la infección por *Golovinomyces orontii*. Sin embargo, esta susceptibilidad es difícil de detectar a simple vista y no todos los transformantes primarios muestran este fenotipo de susceptibilidad débil. Para estudiar con más detalle el desarrollo de *Golovinomyces orontii*, se realizaron estudios microscópicos.

Se lavaron las hojas durante 48 horas en EtOH al 70% y se tiñeron con CBB. Con este cribado microscópico, se observó una clara diferencia entre la línea mutante Atmlo2/6/12 resistente al oídio y esta línea complementada con 35S::CmKIP2_cDNA.

De las líneas complementadas analizadas, varias mostraron un claro desarrollo de hifas en las hojas, mientras que todas las esporas en germinación en el mutante triple se detuvieron inmediatamente después de la penetración en las hojas. En las líneas complementadas con 35S::CmKIP2_cDNA se detectó un desarrollo claro de hifas lo que indica que el gen *CmKIP2* es capaz de restablecer la vía de susceptibilidad al oídio en *Arabidopsis*.

Se observaron resultados comparables, es decir, complementación en *Arabidopsis*, para la construcción de sobreexpresión de *CmKIP3*.

Tabla 2: secuencias de cDNA y aminoácidos

Identidad del gen del oídio	Planta	Tipo de secuencia	SEQ ID No.
<i>CmKIP1</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	1
		aa	2
<i>CmKIP2</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	3
		aa	4
<i>CmKIP3</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	5
		aa	6
<i>CmKIP4</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	7
		aa	8
<i>CmKIP6</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	9
		aa	10
<i>CmKIP7</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	11
		aa	12
<i>CmKIP9</i>	<i>Cucumis melo</i>	cDNA	13
		aa	14

Listado de secuencias

5 <110> ENZA ZADEN BEHEER B.V.
KEYGENE N.V.
Diergaarde, Paul Johan
van Enckevort, Leonora Johanna Gertruda
Posthuma, Karin Ingeborg
Prins, Marnus Willem

<120> GENES QUE PROPORCIONAN RESISTENCIA AL OÍDIO DE LA FAMILIA CUCUMIS Y SU USO

<130> 4/2MI57/39p

10 <150> PCT/EP2011/053053
<151> 11-03-2011

<160> 24

<170> BiSSAP 1.0

15 <210> 1
<211> 1713
<212> ADN
<213> Cucumis melo

20 <220>
<221> fuente
<222> 1..1713
<223> /tipo_mol="ADN"
/nota="CmKIP1 cADN"
/organismo="Cucumis melo"

<400> 1
atggctgaat gtggaacaga gcagcgctact ttggaagata cttcaacttg ggctgttgcg
60

gttggtttgtt ttttcttggg ttgtatttca atcttcattg aacatgtcat tcaacctcact
120

ggaaagtggc tggagaaaaa gcacaagcca gctcttggtg aagctctaga aaagggttaa
180

gcagagctta tgctattggg atttatatcc ctacttctaa cggtaggcca agatgctgtc
240

actcaaattt gtgtttcgaa ggagcttgca gcaactggc ttccctgtgc agcaagagct
300

aaagcaggag taaaagttgc gaagaacagt cgtcttagac ttcttgaatt ttagatcct
360

gactatgggt cgaggcgat tttagcctcg aaaggagatg atgcatgcgc taagaggggc
420

caactcgctt tcgtgtcggc atatggaatc catcagctcc atattttcat ctctgtcttg
480

25

ES 2 702 562 T3

gctgtcttcc atgtcctata ttgcatcatc actttggctt tggcagaac aaagatgagc
540

aaatggaagg cctgggagga tgaaccaag acaattgaat accagtacta taatgatcca
600

gcaagattta gatttgccag agatactacg tttggacgcc gacacttgag cttctggagt
660

cgtaaccaa tttccctctg gattgtttgt ttcttcagac aattctttgg atcagttacc
720

aagggtgatt acatgacact gagacatgga ttcattgttg cacatctagc acccggaagt
780

gaagtaaaat ttgatttcca caatacatt agcagatctc tggaagacga ctttaaagtt
840

gttggtggga ttagtccgc aatgtggcta tttgctgttc tcttcacct aactaataca
900

aatgggtggt attcatact atggctgcct ttcatttcct tatttataat tctattggtg
960

ggaacaaagc tccatgtcat tataactcat atgggattga caattcaaga aaggggtcat
1020

gttggtgaagg gtgttccggt cgttcagcct cgggatgacc tgttttggtt tggccgtcca
1080

caacttattc tcttctgat ccactttgtt ctctttatga atgcatttca gottgccttc
1140

tttgcttggga ccacatatgc attcacgtgg aggggttgtt tccatcagcg aattgaagat
1200

attgccatca gactctcaat gggggttatc atacaagttc tctgcagtta tgtcacactc
1260

ccactctatg ctttggttac tcagatgggc tctaactga gaccaaccat tttcaacgac
1320

cgagtggcga cggcattgaa gaactggcac cactccgcca agaagaacat gaagcagcat
1380

cgcaaccag acagtacctc accattctca agcaggccaa caactccaac tcacggcatg
1440

tctcctattc accttctgca caaacatcag catggcagca catctcccag gctatccgat
1500

gccgaaccg atcgggtggga agagttacct ccttcttcac accataatag agcccatgat
1560

aatcaagatc aacaagaaca atctgagact agtagagaac aggagatgac ggttcaacga
1620

ccaagttcaa gtgaaaccgg ttccataaca cgtcctgctc gccctcatca ggaaatcact
1680

aggagtccat cggacttctc atttgccaaa tga
1713

<210> 2

<211> 570

<212> PRT

<213> Cucumis melo

5

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..570

<223> /tipo_mol="proteina"

5 /nota="CmKIP1 aa"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 2

```

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

```

ES 2 702 562 T3

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

<210> 3

<211> 1704

5 <212> ADN

<213> Cucumis melo

<220>

<221> fuente

<222> 1..1704

10 <223> /tipo_mol="ADN"

/nota="CmKIP2 cADN"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 3

atgtttctgg ttgtttatta tttgtgtttg agtttgtttg gggggaaatc gtggggagct
60

ccggccagcg atggcaccac gagggagctc gatcagactc cgacgtgggc tgttgctggg
120

15

ES 2 702 562 T3

gtttgtgcta ttatcatcct tatttctatc gccttggaga aactccttca taaagctgga
180

acgtggctca cggaaaagca caagagagct ctctttgaag ctctggagaa agttaaagct
240

gagctgatga ttctgggttt catttctcta ctctcacct ttggacagaa ctacatcatt
300

aaaatctgca ttcccacgaa ggttgcaaact actatgttgc catgtgctgc caaagaggac
360

aaattggaga aggcagatga gggcgaacat catcgacgac tactaatgta tgaacggagg
420

ttcctggctg ctgctggtgg cgctgttagt tgcaaagaag gtcattgtgc gcttatact
480

atctcgggat tgcattcagtt gcacttgttt atcttcttct tagccgtatt tcatgtgga
540

tatagtcca tcacaatgat gcttgggagg ctaaagattc gaggttgga ggcattggag
600

gaggagacct caactcacia ttacgagttc tcaaatagata atgcacgatt caggcttact
660

cacgaaacat catttgtgaa agcccacacg agtttttga caaaacttcc tgtcttcttt
720

tatattggat gcttcttccg acaatttttc aagtccgttg gtaaggctga ctacctgga
780

ttacgaaatg gattcatcgc tgttcacott gctccaggaa gtaaatttga ctttcaaaaa
840

tatatcaaaa ggtctctaga agatgacttc aaaataattg tgggagtga tcccgtgctt
900

tggacatcgt ttgtggtctt cttgctcata aatgtttacg gatggcaagc attgttttgg
960

acatccttag tccctgtgat cataatcctg gctgttgga caaagcttca aggaattatg
1020

acaaagatgg ctcttgaaat tacagaaaga catgctgttg tccaaggaat toctctcgtt
1080

caggcatcag ataaatattt ttggtttggc aagcctcagc tggttcttta cctcatccac
1140

ttcgctttat tttcgaatgc attccaaata acatacttct tctggatttg gtattccttt
1200

gggttaaaat cctgcttcca tactgatttc aagcttgcaa tcattaaagt tggtttcggg
1260

ES 2 702 562 T3

gttggcgttc tctgtctctg cagttatata acttttccac tctatgctct tgtcactcag
1320

gtgggtactc gtatgaagaa gtcgatcttt gacgaacaaa catcgaaggc tcttaagaaa
1380

tggcacatgg ctgtaagaa gcgacatggg aagtccccga ctcgaaaact agggagtcca
1440

agtgcgtcac caattcatcc atcagcagga tacacattgc atcgtttcaa gacgacaggt
1500

cactcaaaca gatcatccat gtatgatgag aatgatgcat cagattatga agttgatcca
1560

ttgtcgccta aagtcgatac tccaaatddd acggttagaa tagaccgtgc tgatgaacat
1620

catgttgaaa taattgaacc ccagcatata gagaaaagga atgaagacga tttctctttt
1680

gtcaaacctg gaccaacaaa atga
1704

<210> 4

<211> 567

<212> PRT

5 <213> Cucumis melo

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..567

<223> /tipo_mol="proteina"

10 /nota="CmKIP2 aa"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 4

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

ES 2 702 562 T3

```

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

```

<210> 5

<211> 1779

5 <212> ADN

<213> Cucumis melo

<220>

<221> fuente

<222> 1..1779

10 <223> /tipo_mol="ADN"

/nota="CmKIP3 cADN"

/organismo="Cucumis melo"

ES 2 702 562 T3

<400> 5

atggccggag gtggcgccgg aaggtccttg gaagagacgc cgacatgggc cgtcgccgcc
60

gtctgctttg ttttggttct gatttctatt atcatcgaac acattctcca tctcatcgga
120

aagtggctaa agaagaaaca caaacgagct ctttacgaag ctctagagaa gatcaaatca
180

gaactgatgc tgttgggatt catatcgctg ctgctgacgg tgggacaaag cctaatacaca
240

aatgtttgta taccaccaga cgtggcagcc acgtggcatc catgtagtcc tcaaagagaa
300

gaggaattaa ctaaagaagc cgacctggtc gattccgacc acaatcgctg gaaacttctc
360

gcgacggtct cccatcatgt caacgccacc ttccgccggt ccctcgcggc tgcggtggt
420

accgacaaat gtgctgccaa gggtaaagtt ccatttgtat cggaaggggg tattcatcag
480

ctacatatat tcatcttcgt attggccggt ttccatgttt tgtatttgtt tctaacttta
540

gctctgggca atgccaagat gagaagttgg aagtcatggg agaaagagac tagaacagtg
600

gagtaccaat tctcacacga tccggaacgg ttctgatttg caagagacac gtcgtttggg
660

agaagacatt taagcttttg gacaaaatcc cctttcctca tatggattgt ttgtttcttc
720

agacaattcg ttaggtcggg tccaaaggtt gattacttga ccttaagaca tggtttcgtc
780

atggcacatc tggcacccca cagcgatcag aaatttgact ttcaaaaata cataaaacga
840

tctcttgaag aagatttcaa ggtggtggtc agcatcagcc ctccgatatg gttctttgct
900

gtcctcttcc tacttttcaa caccaacggg tggagggtt atctatggct accctttgtt
960

ES 2 702 562 T3

ccattaatta tagtggttatt ggtggggaca aagttgcaag tgataataac gaagatggcg
1020

ctgaggatac aagaaagagg agaagtgggtg aaaggagtagc cggtggtaga gccgggggat
1080

gacctctttt ggttcaatcg cctcgtctt attctttacc ttatcaattt tgtcctcttc
1140

cagaatgctt ttcagcttgc cttttttgct tggacttggg aagagtttgg gatgaaatct
1200

tgtttccatg aacacaccga ggatttggtc atcagaataa cgatgggagt cctcgttcaa
1260

atcctttgca gttacgtcac attgccactc tatgctctag tcacacagat gggttcgacg
1320

atgaagccta cgattttcaa tgaaagagta gcgacggcat tgagaaattg gcaccacacg
1380

gctcgtaaac acataaaaca aaatcgcggc tcaatgacgc cgatgtcgag ccgtcctgcc
1440

acccctctc accacttgtc accgggtccac cttcttcgcc actatcgaag cgaattagac
1500

agcgtccata cgtctcctag aagatccaat ttcgacaccg atcaatggga ccctgagtcc
1560

ccttccccctt cccaccgatt ccaccgtcgt ccccatcctg gcgacggctc catttccaac
1620

catcaccgcg acgtggaggc cggtgatctt gatgccgatg ttgattcgcc tcaaccgat
1680

cggacgactc aatcgatgaa cccaataaat attgagcaac accaaattga cgtgggggtct
1740

aatgaattct cattcgatag aagagttgat agactatga
1779

<210> 6

<211> 592

5 <212> PRT

<213> Cucumis melo

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..592

10 <223> /tipo_mol="proteina"

/nota="CmKIP3 aa"

/organismo="Cucumis melo"

ES 2 702 562 T3

<400> 6

```

Met Ala Gly Gly Gly Ala Gly Arg Ser Leu Glu Glu Thr Pro Thr Trp
1      5      10      15
Ala Val Ala Ala Val Cys Phe Val Leu Val Leu Ile Ser Ile Ile Ile
20      25      30
Glu His Ile Leu His Leu Ile Gly Lys Trp Leu Lys Lys Lys His Lys
35      40      45
Arg Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Glu Lys Ile Lys Ser Glu Leu Met Leu
50      55      60
Leu Gly Phe Ile Ser Leu Leu Thr Val Gly Gln Ser Leu Ile Thr
65      70      75      80
Asn Val Cys Ile Pro Pro Asp Val Ala Ala Thr Trp His Pro Cys Ser
85      90      95
Pro Gln Arg Glu Glu Glu Leu Thr Lys Glu Ala Asp Leu Val Asp Ser
100     105     110
Asp His Asn Arg Arg Lys Leu Leu Ala Thr Val Ser His His Val Asn
115     120     125
Ala Thr Phe Arg Arg Ser Leu Ala Ala Ala Gly Gly Thr Asp Lys Cys
130     135     140
Ala Ala Lys Gly Lys Val Pro Phe Val Ser Glu Gly Gly Ile His Gln
145     150     155     160
Leu His Ile Phe Ile Phe Val Leu Ala Val Phe His Val Leu Tyr Cys
165     170     175
Val Leu Thr Leu Ala Leu Gly Asn Ala Lys Met Arg Ser Trp Lys Ser
180     185     190
Trp Glu Lys Glu Thr Arg Thr Val Glu Tyr Gln Phe Ser His Asp Pro
195     200     205
Glu Arg Phe Arg Phe Ala Arg Asp Thr Ser Phe Gly Arg Arg His Leu
210     215     220
Ser Phe Trp Thr Lys Ser Pro Phe Leu Ile Trp Ile Val Cys Phe Phe
225     230     235     240
Arg Gln Phe Val Arg Ser Val Pro Lys Val Asp Tyr Leu Thr Leu Arg
245     250     255
His Gly Phe Val Met Ala His Leu Ala Pro His Ser Asp Gln Lys Phe
260     265     270
Asp Phe Gln Lys Tyr Ile Lys Arg Ser Leu Glu Glu Asp Phe Lys Val
275     280     285
Val Val Ser Ile Ser Pro Pro Ile Trp Phe Phe Ala Val Leu Phe Leu
290     295     300
Leu Phe Asn Thr Asn Gly Trp Arg Ala Tyr Leu Trp Leu Pro Phe Val
305     310     315     320
Pro Leu Ile Ile Val Leu Leu Val Gly Thr Lys Leu Gln Val Ile Ile
325     330     335
Thr Lys Met Ala Leu Arg Ile Gln Glu Arg Gly Glu Val Val Lys Gly
340     345     350
Val Pro Val Val Glu Pro Gly Asp Asp Leu Phe Trp Phe Asn Arg Pro
355     360     365
Arg Leu Ile Leu Tyr Leu Ile Asn Phe Val Leu Phe Gln Asn Ala Phe
370     375     380
Gln Leu Ala Phe Phe Ala Trp Thr Trp Lys Glu Phe Gly Met Lys Ser
385     390     395     400
Cys Phe His Glu His Thr Glu Asp Leu Val Ile Arg Ile Thr Met Gly
405     410     415
Val Leu Val Gln Ile Leu Cys Ser Tyr Val Thr Leu Pro Leu Tyr Ala
420     425     430
Leu Val Thr Gln Met Gly Ser Thr Met Lys Pro Thr Ile Phe Asn Glu
435     440     445
Arg Val Ala Thr Ala Leu Arg Asn Trp His His Thr Ala Arg Lys His

```

ES 2 702 562 T3

450 455 460
 Ile Lys Gln Asn Arg Gly Ser Met Thr Pro Met Ser Ser Arg Pro Ala
 465 470 475 480
 Thr Pro Ser His His Leu Ser Pro Val His Leu Leu Arg His Tyr Arg
 485 490 495
 Ser Glu Leu Asp Ser Val His Thr Ser Pro Arg Arg Ser Asn Phe Asp
 500 505 510
 Thr Asp Gln Trp Asp Pro Glu Ser Pro Ser Pro Ser His Arg Phe His
 515 520 525
 Arg Arg Pro His Pro Gly Asp Gly Ser Ile Ser Asn His His Arg Asp
 530 535 540
 Val Glu Ala Gly Asp Leu Asp Ala Asp Val Asp Ser Pro Gln Pro Asp
 545 550 555 560
 Arg Thr Thr Gln Ser Met Asn Pro Ile Asn Ile Glu Gln His Gln Ile
 565 570 575
 Asp Val Gly Ser Asn Glu Phe Ser Phe Asp Arg Arg Val Asp Arg Leu
 580 585 590

<210> 7

<211> 1548

5 <212> ADN

<213> Cucumis melo

<220>

<221> fuente

<222> 1..1548

10 <223> /tipo_mol="ADN"

/nota="CmKIP4 cADN"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 7

atgggcggcg gaggtgaagg aacgacgctg gaattcactc cgacgtgggt tgtagccgcc
60

gtatgtaccg tcatcggtgc catttccttc gccttagagc gtcttcttca ctttctcggc
120

agatacctca aaagcaagaa tcaaaagccg ctcaatgaag ctcttcagaa agttaagaa
180

gaattgatgc ttttggggtt catttcactt ctgctcactg tatttcaagg caccatctct
240

aaattgtgtg ttcctgagag ttgaccgaa catttacttc cgtgtgatct gaaggataaa
300

ccgaaagctg aacatgggtc gccctcaggt gaaaccgggt cgtcaacgac gaagcatttt
360

caaaccttct ttgtttcgag tatttctggt acggccagac ggcttcttgc tgagggatct
420

gcttcacagg ctgggtattg tgccaaaaag aataaggtgc cattgctatc actcgaagca
480

ttgcatcatc tacatatattt tatcttcac ctagctatcg tccacgtaac attttgcgtt
540

ES 2 702 562 T3

ctcactgtag tttttggagg attgaagatt cgccagtgga agcattggga ggattctatt
600

gcaaaagaga attatgatac tgaacaagtt ctaaaaccaa aagtcactca tgtccatcaa
660

catgctttta tcaaagacca ctttttgggc tttggtaaag attcagctct tcttggttgg
720

ttgcattcct ttctcaagca attttatgct tctgtaacaa aatcagatta tgcaacgtta
780

cggcttggtt tcattatgac gcactgcagg ggaaatccga agtttaattt tcacaagtag
840

atgatacgtg ctcttgaaga tgacttcaag catgttggtg gaatcaggag ttggtatctt
900

tggatattcg tgggtgtctt cttgttcctt aatgtcagtg gttggcatac atatttttgg
960

atagcattca ttcctttcgt tcttttgctt gctgtgggaa cgaagctgga acatgtgata
1020

accagctgg ctcattgaggt tgcagagaag cacgtagcaa ttgaaggtag tttagtagtc
1080

caaccgtttg atgatcactt ttggtttcaa cgtcctcgta ttgttctctt cttgatccac
1140

ttcatacttt tccaaaatgc ttttgagatt ggatttttct tctggatatg ggttcaatat
1200

ggatttgact cgtgcatcat gggacaagtc cgctatatca ttccaaggct catcattggg
1260

gtgtttgtcc aggttctttg cagttacagc acccttccgc tctacgccat tgtcactcag
1320

atgggaagtt ctttcaagaa agcaatcttt gatgaacatg tacaagtagg gctagtggc
1380

tgggctcaga aggtgaagaa aagaaagga cttagagcag ctgctgatgg ctccagtcaa
1440

ggagtcaagg aaggtggttc aactgtggg attcagttgg gaaatgttat gcgcaaggct
1500

tctgcacctc aagaaattaa gctgatgac tccaaatcaa ctcatata
1548

<210> 8

<211> 515

5 <212> PRT

<213> Cucumis melo

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..515

10 <223> /tipo_mol="proteína"

/nota="CmKIP4 aa"

/organismo="Cucumis melo"

ES 2 702 562 T3

<400> 8

```

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

```

ES 2 702 562 T3

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

<210> 9
 <211> 1626
 <212> ADN
 <213> Cucumis melo

<220>
 <221> fuente
 <222> 1..1626

<223> /tipo_mol="ADN"
 /nota="CmKIP6 cADN"
 /organismo="Cucumis melo"

<400> 9
 atgggtggcg gtgggtgggtg cggtgctccg agtagggagt tagatcaaac tccgacatgg
 60

gccgttgccg ctgtttgtgc agtcatcatt cttatttcca tcatattgga aaaggttctt
 120

cacatgggtg gagagatatt tcagaaaagg aaaaagaaag cttgtatga agcccttgag
 180

aaagttaaag gagagcttat ggtcttagga ttcatttctt tgctcttaac atttgggcaa
 240

aattatattg ctaaagtttg cataccctca aagtatgaaa atactatggt gccttgccct
 300

tatagaggga gtactactgc acctaaaagc tcccatgggtg gtgagccga agatcatgat
 360

gaagagacta cagatcacca tcgtaggctt ctttggtacg agcatcgaca tctagctggt
 420

ggtggtcctg tagaaggttg caaaccaggg tatacacaac ttatatctct aaatggtctg
 480

ES 2 702 562 T3

catcaaatac atattttcat cttctttcta gccgttctcc atgttgatt tagcgccata
540

acgatgactc tcggaagatt gaaaattcgt ggatggaagg tatgggaaag acagaccgaa
600

caagaacatg atgcatgaa cgatcctaca aggttttagac ttactcatga gacatccttt
660

gtaagagacc atagcagttt ttggactaaa acaccctct ccttttacgt atccttctgg
720

aggcaattct ttaggtccgt tagtaggcca gattacttgt cccttagaca tgggtttgtc
780

accgttcatt tagccccctgg gagtaaattt gactttcaga aatacatcaa aaggtcatta
840

gaagatgact ttaagtggt cgtgggaatc acgagtcctc tgctatgggc atcaatgggt
900

ctttttctgc ttctcaatgt tagtgggtgg caagtatgt tttgggtgc catatttcct
960

ctagtgggtga tcttagccgt tggaacaaag ttgcaaggaa ttataacgca aatggctctt
1020

gaaatcaaag aaagacatgc agtgggtcaa gggattcccc ttgttcaagt ctctgataga
1080

cacttttgggt ttagttggcc cgttttgggt ctttatctca tccactatgt ccttttccag
1140

aatgcatttg agattacata tttcttttgg atatggtatg aatttgggtt gagatcgtgc
1200

tttcatgaca actttgatct tattatcgtg agagttgccc taggggttgg agtccagatt
1260

ttgtgcagtt acattacact ccattatat gctcttgtaa cttagggatc aacaatgaag
1320

aatccatat ttgatgaaca aacttcgaaa gcattgaagc aatggcatag aagtgctttg
1380

aagaaaaaga acgaaggagg aaagcctgaa tcaacgccga tgcgaacttt aggcggtgtc
1440

ggaggaagcc ccccgagtc accgatacaa ccttcgcatg atcagttcca acatcaatcg
1500

gtcaatcaat tatcatcacc aaccgacgtc gaagcctccg ccagcttcc ttcagccgac
1560

gtaatggcta ccgttgatct ccaccaccac caacaaaact atgctaatacg tgacttggtg
1620

agttga
1626

5 <210> 10
<211> 541
<212> PRT
<213> Cucumis melo

<220>
<221> FUENTE

<222> 1..541
 <223> /tipo_mol="proteína"
 /nota="CMKIP6 aa"
 /organismo="Cucumis melo"

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

ES 2 702 562 T3

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

<210> 11

<211> 1716

5 <212> ADN

<213> Cucumis melo

<220>

<221> fuente

<222> 1..1716

10 <223> /tipo_mol="ADN"

/nota="CmKIP7 cADN"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 11

atgtctgttt tttgtctttg cttctgcctt ttatttactg gcgtcgccgc gtccggtgga
60

gacggcagcc ccactccag ggatctcgat aacacacca cctgggctgt tgctgctgtt
120

tgcttctttt tcgtccttat ttccattgtc ttggaaaatg ttcttcacaa acttgaacg
180

tggttgacag aaaagcgcaa gagttctctg tatgaagctc tggagaaggt taaggctgag
240

ttgatgattt tgggtttcat ctccctgctt ctgacttttg ctcaagcata tatagtccaa
300

15

ES 2 702 562 T3

atctgtattc ctccgtccat tgcaaaactcc atgttgccct gtccccttaa agagaaagat
360

gcctcatcat ctacaaccga tgaagacgaa catcacccga gactacaatg gctaattcga
420

agatcattgg ctggagggtca caatgtcgtc tcgtgtaagg atggtaagggt gtctcttata
480

tctattgatg gattgcatca gttgcacatt ctcatTTTTct tcttgccgt gtttcatgtg
540

ctcttttagtg ttatcacaat gacacttgga agggtaaaga ttcgaggctg gaaggagtgg
600

gagcaggaaa ctttaacgca taactatgag tttttcaatg atcctgcaag atttacgctt
660

actcacgaga catcttttTgt gaaagcacac accagctttt ggacacgtct tcctttcttc
720

ttctatatta gttgcttctt caggcaattt tatgggtctg ttagtagggc tgattacttg
780

acgtgcgca acggattcat aacagtccat ttagcacctg gaagtaaatt taacttccag
840

agatatatca aaaggtcatt agaagatgac ttttaaggtag tcgtcgggtgt gagtcctttt
900

ctgtggtcga catttTgtgat cttcctgatc tttaatcgat ctggatggca tacattgttc
960

tgggcatcat ttatccctct gcttataatc ttagcgggtg gatcaaaaact tcaagccatt
1020

ttgactagga tggctcttga aatctctgag aaacatgcag tgggtccagg aattccactc
1080

gtgcaaggat ccgacaagta tttctgggtc ggtcgccctc aactgattct tcattctcatg
1140

cattttgctt tatttcagaa tgcattccag accacctata ttttgtctac actgtattct
1200

tttggcctga attcttTgctt ctttgggtgt cgcacctta caattataaa agttgggtta
1260

ggggtagtag cattatttct ttgcagctac gttacgcttc caatatacgc ccttgtaaatt
1320

cagatgggtt caggatgaa gaggtccatc tttgatgaac agacatcaaa ggcactcaag
1380

aaatggcacg aaacggccaa gaagaagcgg gctaaacgag cctcagcaac taaaaccctc
1440

ES 2 702 562 T3

ggaggtagtt caaatgcttc acctctacgc tcattgacgac ggtttaaaac tacaggacac
1500

tccatacgtg tgcctacgta tgaggacctt gagtcatctg attacgaggg cgatccatca
1560

gcaacacctta cacaagtgtc aacaagtga tgcattaatg ttgatgtaga agatggagat
1620

gaaatacaag aaatcgctga aacagagcaa tcccacagta caatgcaaag taaagaagga
1680

gatgagttct catttataaa gcctgcacca ctagga
1716

<210> 12

<211> 572

<212> PRT

5 <213> Cucumis melo

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..572

<223> /tipo_mol="proteína"

10 /nota="CmKIP7 aa"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 12

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

ES 2 702 562 T3

Ser Phe Val Lys Ala His Thr Ser Phe Trp Thr Arg Leu Pro Phe Phe
 225 230 235 240
 Phe Tyr Ile Ser Cys Phe Phe Arg Gln Phe Tyr Gly Ser Val Ser Arg
 245 250 255
 Ala Asp Tyr Leu Thr Leu Arg Asn Gly Phe Ile Thr Val His Leu Ala
 260 265 270
 Pro Gly Ser Lys Phe Asn Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Arg Ser Leu Glu
 275 280 285
 Asp Asp Phe Lys Val Val Val Gly Val Ser Pro Phe Leu Trp Ser Thr
 290 295 300
 Phe Val Ile Phe Leu Ile Phe Asn Arg Ser Gly Trp His Thr Leu Phe
 305 310 315 320
 Trp Ala Ser Phe Ile Pro Leu Leu Ile Ile Leu Ala Val Gly Ser Lys
 325 330 335
 Leu Gln Ala Ile Leu Thr Arg Met Ala Leu Glu Ile Ser Glu Lys His
 340 345 350
 Ala Val Val Gln Gly Ile Pro Leu Val Gln Gly Ser Asp Lys Tyr Phe
 355 360 365
 Trp Phe Gly Arg Pro Gln Leu Ile Leu His Leu Met His Phe Ala Leu
 370 375 380
 Phe Gln Asn Ala Phe Gln Thr Thr Tyr Ile Leu Ser Thr Leu Tyr Ser
 385 390 395 400
 Phe Gly Leu Asn Ser Cys Phe Phe Gly Gly Arg Ile Leu Thr Ile Ile
 405 410 415
 Lys Val Gly Leu Gly Val Val Ala Leu Phe Leu Cys Ser Tyr Val Thr
 420 425 430
 Leu Pro Ile Tyr Ala Leu Val Asn Gln Met Gly Ser Gly Met Lys Arg
 435 440 445
 Ser Ile Phe Asp Glu Gln Thr Ser Lys Ala Leu Lys Lys Trp His Glu
 450 455 460
 Thr Ala Lys Lys Lys Arg Ala Lys Arg Ala Ser Ala Thr Lys Thr Leu
 465 470 475 480
 Gly Gly Ser Ser Asn Ala Ser Pro Leu Arg Ser Leu Arg Arg Phe Lys
 485 490 495
 Thr Thr Gly His Ser Ile Arg Val Pro Thr Tyr Glu Asp Leu Glu Ser
 500 505 510
 Ser Asp Tyr Glu Gly Asp Pro Ser Ala Thr Pro Thr Gln Val Ser Thr
 515 520 525
 Ser Glu Ser Ile Asn Val Asp Val Glu Asp Gly Asp Glu Ile Gln Glu
 530 535 540
 Ile Ala Glu Thr Glu Gln Ser His Ser Thr Met Gln Ser Lys Glu Gly
 545 550 555 560
 Asp Glu Phe Ser Phe Ile Lys Pro Ala Pro Leu Gly
 565 570

<210> 13

<211> 1560

<212> ADN

<213> Cucumis melo

<220>

<221> fuente

<222> 1..1560

<223> /tipo_mol="ADN"

/nota="CmKIP9 cADN"

/organismo="Cucumis melo"

ES 2 702 562 T3

<400> 13

atggcgagtt tggaacgaac ccctacatgg gcagtggcca ctgtctgttt tctattgatt
60

ctcatttcca tttccacaga atatttgctt cactttcttg tctttttcag catcaaaaga
120

aggaaatccc tcaggcaagc tctcgacaat atcaaaccg aattgatgct tttgggattt
180

gtatcgctgt tattgacggt gagcgagaaa ggaattgcta acatttgcat tcctaagagt
240

ttgaatcaca aatttctgcc ctgtcccact atcaacttca attccactta cttcttgga
300

gaacccaagt gtgattcaca ggtaaatatg aggagatggc agtcttgga agcaaaaacc
360

agaactttag aatatcaatt tacaactgat ccaagaagat ttcaatttgc tcgtcaaaca
420

tcctttggca agaggcatct caaattctgg agtgaccatc acatttttcg atggccggt
480

attaaccct ttttttttgt ttctgcctgt tttgttagac aattttacga atctgtctcc
540

gcagctgatt atctcactct tagacatgg ttcattacgg ctcatcttg agaaggaacc
600

aactttgact tccaaaagta tataagaaga gctctagaca atgatttcag tgtggttg
660

ggaatcagga gttggtgggt ttgggtgttt tctgtaatct tcatattctt cagtgcacat
720

tggcatgcag ggtttcacag ctatctatgg cttcccttta ttccattatt aatgctttt
780

ttggttgga caaaattaca agggattatg acggagatgt gtttgagag caatgagaag
840

tctcatgtcg tacgaggaac tctgcttggt aggccagtg accattattt ttggttggtc
900

cgtcccaa at tgcttctcta tttcatacac ttcattttct tccagaactc atttcaatta
960

gcgttttttt catgggcatg gctgaaattt gggctgagat cgtgctttca aagagagata
1020

gcagatttgg taataggagt ttctgtgggg gtgttggtgc agttcatttg tggttatgtt
1080

actctccctc tctatgcact tgtagctcag atggggagt cgatgaagaa aacggtatcc
1140

ES 2 702 562 T3

acggaggggg tggttgaagg cctgaggaaa tggcaaggaa gagcgaagaa aaaggttgct
1200

cgaaggcgaa gatcaggcca acatggctgc gactacaact tctcatcaca gtcgcccgcg
1260

cgtacatcag ttgacgccgg cgttgactcg ccgccatctt tcagactgga ggcggcgccg
1320

cccatggcat cagtggatta ttataatggc cgtttacaag gggcgggtgc caataataac
1380

aaacaatata ataataacaa caccaccact tgttcggctg ctgtttcagt tagtggcgat
1440

gaggataaac taaaaggcaa aaaaccaatc gaagaggagg cggatcacia acccatctca
1500

ttggatgcct ttgattgggc taccaaaata caccgtaatt tttcaagaca tgcaatgtag
1560

<210> 14

<211> 519

5 <212> PRT

<213> Cucumis melo

<220>

<221> FUENTE

<222> 1..519

10 <223> /tipo_mol="proteína"

/nota="CmKIP9 aa"

/organismo="Cucumis melo"

<400> 14

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

ES 2 702 562 T3

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

REIVINDICACIONES

1. Planta de *Cucumis melo* que comprende en su genoma un gen alterado que confiere resistencia al oídio, mostrándose la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia en la SEQ ID No. 2; donde

- 5 - dicha alteración es una o más mutaciones en dicho gen que da como resultado la ausencia de un producto de expresión de proteínas; o
- dicha alteración es una o más mutaciones en dicho gen que da como resultado un producto de expresión de proteínas no funcional; y

10 en donde dicha alteración proporciona resistencia al oídio y dicha planta de *Cucumis melo* no se obtiene exclusivamente por un proceso esencialmente biológico.

2. Semillas, partes de plantas o material de propagación de una planta de acuerdo con la reivindicación 1, que comprende en su genoma un gen alterado que confiere resistencia al oídio, mostrándose la secuencia de aminoácidos codificada por dicho gen que confiere resistencia en la SEQ ID No. 2; donde

- 15 - dicha alteración es una o más mutaciones en dicho gen que da como resultado la ausencia de un producto de expresión de proteínas; o
- dicha alteración es una o más mutaciones en dicho gen que da como resultado un producto de expresión de proteínas no funcional; y

en donde dicha alteración proporciona resistencia al oídio y dicha planta según la reivindicación 1 no se obtiene exclusivamente por un proceso esencialmente biológico.

20

FIGURA 1

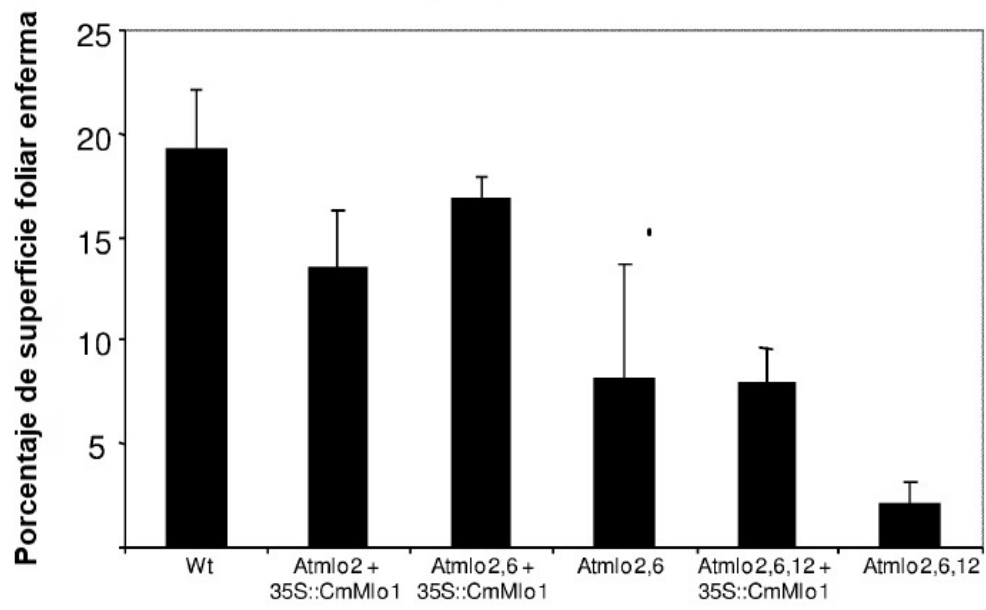


FIGURA 2

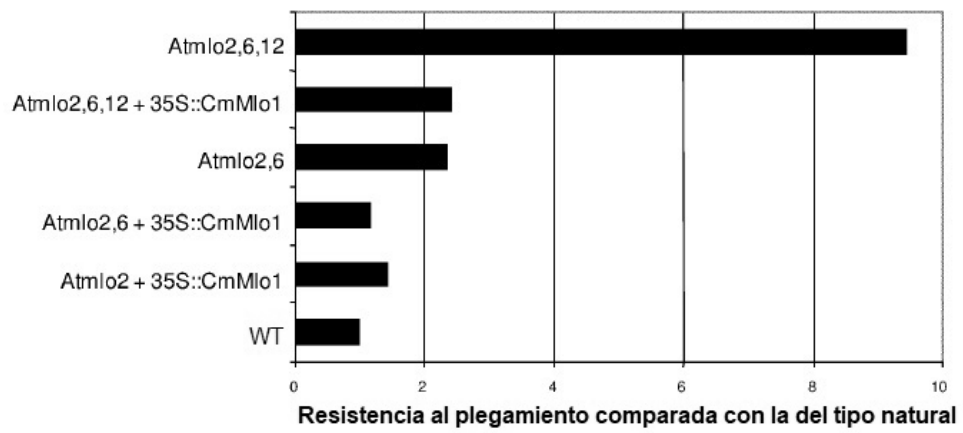


FIGURA 3

