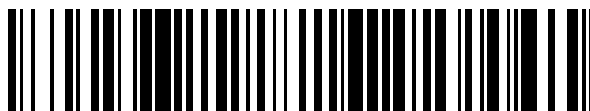


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 709 025**

51 Int. Cl.:

**C07D 215/227** (2006.01)

**A01N 43/42** (2006.01)

**A01P 15/00** (2006.01)

12

## TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **15.03.2013** **PCT/US2013/032281**

87 Fecha y número de publicación internacional: **03.10.2013** **WO13148339**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **15.03.2013** **E 13715055 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **26.12.2018** **EP 2830422**

54 Título: **Compuestos sintéticos para respuestas aba vegetativas**

30 Prioridad:

**30.03.2012 US 201261618386 P**

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

**12.04.2019**

73 Titular/es:

**THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF  
CALIFORNIA (100.0%)  
1111 Franklin Street, 12th Floor  
Oakland, CA 94607-5200, US**

72 Inventor/es:

**CUTLER, SEAN R. y  
OKAMOTO, MASANORI**

74 Agente/Representante:

**PONS ARIÑO, Ángel**

### Observaciones:

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

ES 2 709 025 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

Compuestos sintéticos para respuestas aba vegetativas

## 5 Antecedentes de la invención

El ácido abscísico (ABA) es una hormona de planta que regula la transducción de señales asociada con las respuestas al estrés abiótico (Cutler *et al.*, 2010, Absciscic Acid: Emergence of a Core Signaling Network. Annual Review of Plant Biology 61:651-679). La ruta de señalización ABA se ha aprovechada para mejorar la respuesta al estrés de la planta y los rasgos de rendimiento asociados a través de numerosos enfoques (Yang *et al.*, 2010, Mol. Plant, vol. 3, n.º 3, págs. 469-490). La aplicación directa de ABA a las plantas mejora su eficiencia en el uso del agua (Raedmacher *et al.*, 1987, en: Hawkins AF, Stead AD, Pinfield NJ (eds.) Plant growth regulators for agricultural and amenity use. BCPC Monograph 36:53-66.). Por este motivo, el descubrimiento de los agonistas de ABA ha recibido una atención cada vez mayor, ya que dichas moléculas pueden ser beneficiosas para mejorar el rendimiento de los cultivos (Park *et al.*, 2009, Science, vol. 324, n.º 5930, págs. 1068-1071; Melcher *et al.*, 2010, Identification and mechanism of ABA receptor antagonism. Nature Structural & Molecular Biology 17(9):1102-1110; Notman *et al.*, Royal Society of Chemistry (1 de mayo de 2009) <http://www.rsc.org/chemistryworld/News/2009/May/01050901.asp>).

El primer agonista sintético de ABA identificado fue la naftalensulfonamida llamada pirabactina (Park *et al.*, 2009), que activa de manera eficiente la señalización de ABA en las semillas, pero tiene una actividad limitada en los tejidos vegetativos, en los que se producen los aspectos más críticos de la tolerancia al estrés abiótico. Se han divulgado sulfonamidas muy similares a la pirabactina como agonistas de ABA (véase la publicación de patente de EE.UU. n.º 20130045952) y compuestos moduladores del estrés abiótico (véase la publicación de patente de EE.UU. n.º 20110230350); y también se han descrito los agonistas de ABA sin sulfonamida (véase la publicación de patente de EE.UU. n.º 20130045952 y 20110271408).

Un enfoque complementario para activar la ruta ABA implica aumentar la sensibilidad de una planta a ABA a través de métodos genéticos. Por ejemplo, el antisentido condicional del gen de la subunidad beta de la farnesil transferasa, que aumenta la sensibilidad ABA de una planta, mejora el rendimiento en condiciones de sequía moderada tanto en la canola como en la Arabidopsis (Wang *et al.*, 2005, The Plant Journal, vol. 43, n.º 3, págs. 413-424). Por lo tanto, la manipulación de la señalización ABA para mejorar los rasgos que contribuyen al rendimiento está ahora bien establecida.

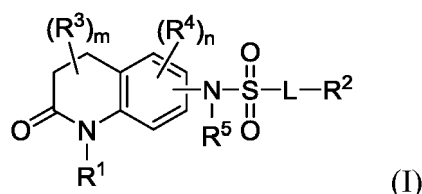
Recientemente se ha descubierto que el ABA provoca muchas de sus respuestas celulares al unirse a una familia de receptores solubles llamados proteínas PYR/PYL. Las proteínas PYR/PYL pertenecen a una gran familia de proteínas de unión a ligandos llamada la superfamilia START (Iyer *et al.*, 2001, Protens: Structure, Function, and Bioinformatics, vol. 43, n.º 2, págs. 134-144; Ponting *et al.*, 1999, Trends Biochem, vol. 24, n.º 4, págs. 130-132). Estas proteínas contienen una arquitectura tridimensional conservada que consta de siete láminas beta anti-paralelas, que rodean una hélice alfa central para formar un motivo de "agarre de hélice"; conjuntamente, estos elementos estructurales forman un bolsillo de unión a ligando para unir ABA u otros agonistas.

El documento WO 2010/093954 divulga el control de la tolerancia al estrés de las plantas, la eficiencia en el uso del agua y la expresión génica usando novedosas proteínas receptoras de ABA y agonistas sintéticos.

El documento WO 2011/139798 divulga receptores PYR/PYL modificados activados por ligandos ortogonales.

## 45 Breve resumen de la invención

La presente invención proporciona agonistas de ABA de molécula pequeña, es decir, compuestos que activan proteínas PYR/PYL. En un aspecto, la presente invención proporciona formulaciones agrícolas que comprenden los agonistas de ABA descritos en el presente documento. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende un compuesto de Fórmula I:



en la que

R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C<sub>1-6</sub>, alqueno C<sub>2-6</sub>, alquino C<sub>2-6</sub>, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo,

R² se selecciona de entre el grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R<sup>2a</sup>,

cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C<sub>1-6</sub>, alcoxi C<sub>1-</sub>

6, haloalquilo C<sub>1-6</sub>, haloalcoxi C<sub>1-6</sub>, alquenilo C<sub>2-6</sub>, alquinilo C<sub>2-6</sub>, -OH, alquilhidroxi C<sub>1-6</sub>, -C(O)NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, -NR<sup>2b</sup>C(O)R<sup>2c</sup>, -SO<sub>2</sub>R<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>OR<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, -CN, -NO<sub>2</sub>, -C(O)R<sup>2b</sup>, -C(O)OR<sup>2b</sup>, -OC(O)R<sup>2b</sup>, y -NR<sup>2b</sup>SO<sub>2</sub>R<sup>2c</sup>, cada uno de R<sup>2b</sup> y R<sup>2c</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>, cada uno de R<sup>3</sup>, R<sup>4</sup> y R<sup>5</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>,  
 5 L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alquileo C<sub>1-6</sub>, el subíndice m es un número entero de 0 a 4, el subíndice n es un número entero de 0 a 3,

o una sal o isómero del mismo;  
 en la que la sulfonamida -N(R<sup>5</sup>)SO<sub>2</sub>LR<sup>2</sup> está en la posición 6.

10 En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además una sustancia química agrícola que es útil para promover el crecimiento de las plantas, reducir las malas hierbas o reducir las plagas. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además al menos uno de un fungicida, un herbicida, un plaguicida, un nematocida, un insecticida, un activador de plantas, un sinergista, un protector de herbicidas, un regulador del crecimiento de la planta,  
 15 un repelente de insectos, un acaricida, un molusquicida o un fertilizante. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además un tensioactivo. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además un portador.

20 En otro aspecto, la invención proporciona métodos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en una planta, comprendiendo el método la etapa de poner en contacto una planta con una cantidad suficiente de las formulaciones anteriores para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en la planta en comparación con la tolerancia al estrés abiótico en la planta cuando no se pone en contacto con la formulación. En algunas realizaciones, la planta es una monocotiledónea. En algunas realizaciones, la planta es una dicotiledónea. En algunas realizaciones, la tolerancia al estrés abiótico comprende tolerancia a la sequía.

25 En otro aspecto, la invención proporciona un método para inhibir la germinación de semillas en una planta, comprendiendo el método la etapa de poner en contacto una planta, una parte de la planta o una semilla de la planta con una cantidad suficiente de las formulaciones anteriores para inhibir la germinación.

30 En otro aspecto, la invención proporciona una planta o una parte de la planta que comprende las formulaciones anteriores. En algunas realizaciones, la planta es una semilla.

En otro aspecto, la invención proporciona un método para activar una proteína PYR/PYL. En algunas realizaciones del método, la proteína PYR/PYL se une a un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) cuando la proteína PYR/PYL se une al compuesto agonista LC66C6 (también denominado en el presente documento quinabactina). En algunas realizaciones, el método comprende la etapa de poner en contacto la proteína PYR/PYL con cualquiera de los compuestos descritos en el presente documento. En algunas realizaciones, la proteína PYR/PYL que se activa es sustancialmente idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO:1-119. En algunas realizaciones, la proteína PYR/PYL se expresa por una célula. En algunas realizaciones, la proteína PYR/PYL se expresa por una célula de planta. En algunas realizaciones, a proteína PYR/PYL es una proteína endógena. En algunas realizaciones, la proteína PYR/PYL es una proteína heteróloga. En algunas realizaciones, la célula expresa además una proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C). En algunas realizaciones, la proteína fosfatasa de tipo 2 es HAB1 (homología con ABI1), ABI1 (insensible al ácido abscísico 1) o ABI2 (insensible al ácido abscísico 2).

#### 45 Breve descripción de los dibujos

**Figura 1. Los novedosos agonistas de ABA se unen a múltiples PYR/PYL.** (A) Estructura química de (+)-ABA de origen natural, su (-) análogo y agonistas de ABA seleccionados. (B) Ensayos agonistas de dos híbridos de levadura de sensibilidad al receptor PYR/PYL a 5  $\mu$ M de sustancias químicas de prueba. Los receptores PYR/PYL específicos y el PP2C HAB1 se expresan como proteínas de fusión Gal4 BD o AD respectivamente, como se describe en el texto.

**Figura 2. Los novedosos agonistas de ABA inhiben la actividad de PPC2 a través de múltiples PYR/PYL.** (A) Estructura química de (+)-ABA de origen natural y agonistas de ABA seleccionados. (B) y (C) Ensayos agonistas de ABA basados en la actividad de las enzimas HAB1, ABI1, y ABI2 PP2C para diversos receptores en presencia o ausencia de 10  $\mu$ M de cada sustancia química de prueba.

**Figura 3.** (A) Inhibición dependiente de la dosis mediada por receptores de la actividad de la enzima PP2C por los agonistas y análogos de ABA. (B) Valores de CI<sub>50</sub> de los compuestos observados en ensayos enzimáticos de agonistas de ABA basados en HAB1 PP2C.

**Figura 4. La quinabactina activa múltiples receptores de ABA.** (A) Estructuras químicas de ABA, pirabactina y quinabactina. (B) Inhibición química-dependiente de HAB1 por los receptores de ABA. Los valores de CI<sub>50</sub> (nM) se determinaron como se describe en los métodos usando HAB1 50 nM, 50 nM y múltiples concentraciones de compuestos; Las curvas de respuesta a la dosis completa se proporcionan como en la Figura 3. (nd) corresponden a receptores que no fueron producidos como proteínas activas. El árbol filogenético es un árbol Neighbor-Joining

que se fabrica usando la matriz de distancia JTT en MEGA5 (Tamura K, *et al.* (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28(10):2731-2739).

**Figura 5. Los novedosos agonistas de ABA inhiben la germinación de semillas de *Arabidopsis* con más fuerza que la pirabactina.** (A) y (B) Comparación de la inhibición de la germinación de semillas por los agonistas de ABA. (C) y (D) los efectos de ABA y LC66C6 (también llamada quinabactina) sobre los mutantes deficientes en la señalización y biosíntesis de ABA de *Arabidopsis* en la germinación (C) y el establecimiento de plántulas (D). Las semillas se sembraron en una placa de agar MS 1/2X que contenía sustancias químicas, y se almacenaron a 4 °C durante 4 días, luego se transfirieron a 22 ± 2 °C. Las fotografías (A y C) y las puntuaciones de germinación (B) o cotiledones verdes (D) se evaluaron después de una incubación de 4 días bajo iluminación continua. El estudio de panel C muestra los ensayos de germinación en 5 µM de ABA o LC66C6.

**Figura 6. LC66C6 inhibe el crecimiento de las plantas.** (A) Fotografías que muestran el efecto de ABA, pirabactina y LC66C6 en los genotipos de *Arabidopsis* de tipo silvestre, *abi1-1* y cuádruples mutantes de PYR/PYL. (B) Inhibición del crecimiento de la raíz y (C) Inhibición del crecimiento de la planta por ABA, LC66C6 y pirabactina. Las plántulas de dos días se transfirieron a una placa 1/2X MS que contenía sustancias químicas y los fenotipos se puntuaron o fotografiaron después de una incubación de 5 días en los compuestos de prueba.

**Figura 7. LC66C6 mejora la tolerancia al estrés por sequía.** LC66C6 reprime la pérdida de agua por transpiración de las hojas desprendidas en el tipo silvestre (A) y los genotipos mutantes *aba2* (B). (C) LC66C6 no puede rescatar los fenotipos del genotipo insensible a ABA *abi1-1*. (D) LC66C6 induce el cierre del estoma en los genotipos de tipo silvestre y *aba2*, pero no *abi1-1*. (E) Efectos de los compuestos en el contenido de agua del suelo durante los tratamientos de sequía en la soja. El contenido de agua del suelo se midió como se describe en los ejemplos.

**Figura 8. La quinabactina confiere tolerancia al estrés por sequía en plantas de tipo silvestre.** (A) Efecto de la quinabactina sobre la tolerancia a la sequía de *Arabidopsis*. Las plantas de dos semanas de edad se sometieron a estrés por sequía mediante la retención de agua y se fotografiaron después de 12 días. Durante el período de sequía, las plantas se trataron cada 3 días con un compuesto de 25 µM. Las plantas se rehidrataron después de un tratamiento de sequía de 2 semanas; el número de plantas supervivientes (del número total probado) para cada tratamiento se muestra al lado de cada imagen. (B) Efectos de la quinabactina sobre la soja. Las plantas de dos semanas de edad se sometieron a estrés por sequía mediante la retención de agua y se fotografiaron después de un tratamiento de sequía de 8 días. Para todos los tratamientos de estrés por sequía, los compuestos (probados a 25 µM para *Arabidopsis* y 50 µM para soja) se aplicaron en soluciones que contenían Tween-20 al 0,05 % y se aplicaron como aerosoles cada 3 días durante el régimen de sequía. Los valores para todos los experimentos son medias ± ETM (n = 6, 3 plantas usadas por experimento).

**Figura 9. LC66C6 induce numerosos genes sensibles a ABA.** (A) Muestra los niveles de expresión de ARNm inducidos por sustancias químicas de los genes indicadores sensibles a ABA RD29B y MAPKKK18 en el tipo silvestre, *abi1-1*, y los genotipos cuádruples mutantes de los receptores *pyr1/pyl1/pyl2/pyl4* de plántulas de *Arabidopsis* tratadas con vehículo (DMSO), pirabactina, LC66C6 o (+)-ABA. (B) LC66C6 induce de manera eficiente genes sensibles a ABA en plántulas de *Arabidopsis*, mientras que la pirabactina no lo hace. Las plántulas de diez días se trataron con un disolvente portador (DMSO) o con ABA 25 µM, pirabactina o LC66C6 durante 8 horas. A continuación se preparó el ARN total marcado e hibridado con micromatrices ATH1. Los datos representados son valores de expresión media transformados por log2 para sondas ~13K que fueron detectables en todos los experimentos. Los datos mostrados son promedios determinados a partir de réplicas biológicas por triplicado. (C) y (D) muestran la expresión de un gen indicador en diferentes tejidos de plantas después del tratamiento con vehículo (DMSO), pirabactina, LC66C6 o (+)- ABA.

**Figura 10. Expresión de los genes sensibles a ABA en mutantes individuales de PYR/PYL.** La respuesta de los ARNm de MAPKKK18, RD29A y RD29B sensibles a ABA a LC66C6, ABA y pirabactina se caracterizó en los ecotipos Col y Ler y los genotipos mutantes individuales *pyr1*, *pyl1*, *pyl2*, *pyl3* y *pyl4*.

**Figura 11. LC66C6 induce la expresión de los genes sensibles a ABA en plantas de tipo silvestre, *abi1-1* y los cuádruples mutantes de PYR/PYL.** LC66C6 y (+)- ABA indujeron la expresión de ABF3, GBF3, NCED3, y RD29A en una manera dependiente de la dosis en las plantas de tipo silvestre Col, mientras que la pirabactina no lo hace.

**Figura 12. La sensibilidad de LC66C6 no se ve influenciada por la CYP707A ABA: hidroxilación de enzimas.** (A) muestra las fotografías y (B) muestra la cuantificación de la longitud de la raíz primaria en plantas de tipo silvestre, plantas que sobreexpresan CYP707A (CYP707AOX) y plantas que son doble mutantes para *cyp707a* tratada con DMSO, (+)-ABA 40 µM y LC66C6 40 µM. (C) muestra peso fresco y (D) muestra el porcentaje de plantas con cotiledones verdes en las plantas tratadas como en (A).

**Figura 13. LC66C6 modula las respuestas de ABA en diversas especies.** Inhibición de la germinación (A) y



pérdida de agua por transpiración en hojas desprendidas 2 horas después del desprendimiento (B) en respuesta a los compuestos mostrados. La expresión de genes marcadores sensibles a ABA en soja (C), cebada (D) y maíz (E) después de la aplicación de sustancias químicas. D, P, L y A indican DMSO, pirabactina, LC66C6 y (+)-ABA, respectivamente.

#### Figura 14. Estructura química de ABA y agonistas.

**Figura 15. El efecto de ABA y agonistas en los ensayos de levadura y germinación de semillas.** (A) muestra los resultados de los ensayos de dos híbridos de levadura usando los receptores PYR/PYL PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 y PYL4 para probar la respuesta a cada uno de los agonistas que se muestran en la Figura 14. (B) muestra los resultados de las pruebas de los agonistas en la Figura 14 sobre la germinación de semillas de tipo silvestre. (C) muestra los efectos de los compuestos en una línea indicadora de ABA según se mide usando ensayos de glucuronidasa en una línea transgénica que expresa glucuronidasa bajo el control del gen de *Arabidopsis* inducible por ABA MAPKKK18.

**Figura 16. La aplicación de LC66C6 puede rescatar los defectos de crecimiento observados en el mutante *aba2* deficiente en ABA.** La solución química (25  $\mu$ M) se pulverizó en plantas de 14 días dos veces al día durante 2 semanas. La imagen (A) y el peso fresco (B) se obtuvieron de plantas de 4 semanas.

**Figura 17. El efecto de ABA y sus agonistas en *Physcomitrella patens* y *Chlamydomonas*.** Imágenes de crecimiento del protonema (A) y análisis cuantitativo (B) de los efectos de ABA y agonistas en *Physcomitrella patens*. Los protonemas se cultivaron en 200  $\mu$ M de sustancia química de prueba específica durante 10 días. Los efectos de LC66C6 fueron débiles, pero inhibieron significativamente el crecimiento del protonema. La pirabactina blanqueó el protonema. (C) La expresión de genes sensibles a ABA de *Physcomitrella patens*. Los protonemas se trataron con soluciones químicas 200  $\mu$ M durante 3 h. (D) Crecimiento de colonias de *Chlamydomonas* en la sustancia química con estrés por salinidad y estrés osmótico. No hubo efecto de ABA y LC66C6 en el crecimiento de *Chlamydomonas* con y sin estrés. La pirabactina blanqueó *Physcomitrella patens* y *Chlamydomonas*, lo que sugiere que este compuesto puede tener toxicidad en estas especies no relacionadas con su actividad agonista ABA.

La **Figura 18** muestra un resumen de los compuestos agonistas probados por su efecto sobre la inhibición de la germinación y pMAPKK18: expresión del indicador Gus. ++++++ indica una actividad fuerte, mientras que un solo + indica una actividad débil, un guión (-) indica que no hay actividad, y nd indica que no está determinado.

#### Definiciones

Los "agonistas" son agentes que, por ejemplo, inducen o activan la expresión de una proteína diana descrita o se unen, estimulan, aumentan, abren, activan, facilitan, aumentan la activación, sensibilizan o regulan positivamente la actividad de una o más proteínas PYR/PYL de plantas (o polinucleótido codificante). Los agonistas pueden incluir moléculas de origen natural y sintéticas. En algunas realizaciones, los agonistas se combinan con agroquímicos para producir y formulación agrícola. Ejemplos de agroquímicos adecuados incluyen fungicidas, herbicidas, plaguicidas, fertilizantes y/o tensioactivos. Los ensayos para determinar si un agonista "agoniza" o "no agoniza" una proteína PYR/PYL incluyen, por ejemplo, poner en contacto los agonistas supuestos con la(s) proteína(s) PYR/PYL purificada(s) y luego determinar los efectos funcionales sobre la actividad de la proteína PYR/PYL, como se describe en el presente documento, o poner en contacto los agonistas supuestos con células que expresan la(s) proteína(s) PYR/PYL y luego determinar los efectos funcionales sobre la actividad de la proteína diana descrita, como se describe en el presente documento. Un experto en la técnica será capaz de determinar si un ensayo es adecuado para determinar si un agonista agoniza o no agoniza una proteína PYR/PYL. Las muestras o ensayos que comprenden proteínas PYR/PYL que se tratan con un agonista supuesto se comparan con las muestras de control sin el agonista para examinar el alcance del efecto. A las muestras de control (no tratadas con agonistas) se les asigna un valor de actividad relativa del 100 %. El agonismo de la proteína PYR/PYL se alcanza cuando el valor de la actividad en relación con el control es del 110 %, opcionalmente 150 %, opcionalmente 200, 300 %, 400 %, 500 %, o 1000-3000 % o más alto.

La expresión "polipéptido del receptor PYR/PYL" se refiere a una proteína caracterizada en parte por la presencia de uno o más o todos de un dominio de policétido ciclasa 2 (PF10604), un dominio de policétido ciclasa 1 (PF03364) y un dominio de Bet VI (PF03364), que en forma de tipo silvestre media el ácido abscísico (ABA) y la señalización analógica de ABA. Una amplia diversidad de secuencias polipeptídicas del receptor PYR/PYL son conocidas en la técnica. En algunas realizaciones, un polipéptido del receptor PYR/PYL comprende un polipéptido que es sustancialmente idéntico a uno cualquiera de las SEQ ID NO:1-119. Véase, por ejemplo, la solicitud PCT publicada del documento WO 2011/139798.

La expresión "ensayo de actividad" se refiere a cualquier ensayo que mida o detecte la actividad de un polipéptido del receptor PYR/PYL. Un ensayo ejemplar para medir la actividad del receptor PYR/PYL es un ensayo de dos híbridos de levadura que detecta la unión de un polipéptido PYR/PYL a un polipéptido de la proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C), tal como se describe en los Ejemplos.

Se dice que dos secuencias de ácido nucleico o polipéptidos son "idénticas" si la secuencia de nucleótidos o restos de aminoácidos, respectivamente, en las dos secuencias es la misma cuando se alinea para la máxima correspondencia como se describe a continuación. Los términos "idéntico" o porcentaje de "identidad", en el contexto de dos o más secuencias de ácidos nucleicos o polipéptidos, se refieren a dos o más secuencias o subsecuencias que son iguales o tienen un porcentaje específico de restos de aminoácidos o nucleótidos que son iguales, cuando se compara y alinea para la correspondencia máxima en una ventana de comparación, según lo medido usando uno de los siguientes algoritmos de comparación de secuencias o mediante alineación manual e inspección visual. Cuando se usa un porcentaje de identidad de secuencia en referencia a proteínas o péptidos, se reconoce que las posiciones de restos que no son idénticas a menudo difieren por sustituciones de aminoácidos conservativas, en las que se sustituyen restos de aminoácidos por otros restos de aminoácidos con propiedades químicas similares (por ejemplo, carga o hidrofobicidad) y por lo tanto no cambian las propiedades funcionales de la molécula. Cuando las secuencias difieren en las sustituciones conservativas, el porcentaje de identidad de secuencia puede ajustarse hacia arriba para corregir la naturaleza conservativa de la sustitución. Los medios para realizar este ajuste son bien conocidos por los expertos en la técnica. Típicamente esto implica puntuar una sustitución conservativa como una falta de coincidencia parcial más que completa, aumentando, por tanto, el porcentaje de identidad de secuencia. Por lo tanto, por ejemplo, cuando a un aminoácido idéntico se le asigna una puntuación de 1 y a una sustitución no conservativa se le asigna una puntuación de cero, se asigna una puntuación entre cero y 1 a la sustitución conservativa. La puntuación de las sustituciones conservativas se calcula de acuerdo con, por ejemplo, el algoritmo de Meyers & Miller, *Computer Applic. Biol. Sci.* 4:11-17 (1988) *por ejemplo*, como se implementó en el programa PC/GENE (Intelligenetics, Mountain View, California, EE.UU.).

La expresión "sustancialmente idéntico", usada en el contexto de dos ácidos nucleicos o polipéptidos, se refiere a una secuencia que tiene al menos un 60 % de identidad de secuencia con una secuencia de referencia. Como alternativa, el porcentaje de identidad puede ser cualquier número entero de 60 % a 100 %. Algunas realizaciones incluyen al menos: 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, o 99 %, en comparación con una secuencia de referencia que usa los programas descritos en el presente documento; preferentemente BLAST usando parámetros convencionales, como se describe a continuación. Las realizaciones de la presente invención proporcionan polipéptidos y ácidos nucleicos que codifican polipéptidos, que son sustancialmente idénticos a cualquiera de las SEQ ID NO:1-119.

Para la comparación de secuencias, típicamente una secuencia actúa como una secuencia de referencia, con la que se comparan las secuencias de prueba. Cuando se usa un algoritmo de comparación de secuencias, las secuencias de prueba y referencia se introducen en un ordenador, se designan las coordenadas de subsecuencia, si fuera necesario, y se designan los parámetros del programa del algoritmo de secuencias. Se pueden usar los parámetros predeterminados del programa, o se pueden designar parámetros alternativos. El algoritmo de comparación de secuencia calcula luego el porcentaje de identidades de secuencia para las secuencias de prueba en relación con la secuencia de referencia, basándose en los parámetros del programa.

Una "ventana de comparación", como se usa en el presente documento, incluye la referencia a un segmento de una cualquiera del número de posiciones contiguas seleccionadas de entre el grupo que consiste en de 20 a 600, por lo general, de aproximadamente 50 a aproximadamente 200, más generalmente, de aproximadamente 100 a aproximadamente 150 en el que se puede comparar una secuencia con una secuencia de referencia del mismo número de posiciones contiguas una vez alineadas las dos secuencias de manera óptima. Los métodos de alineación de secuencias para la comparación son bien conocidos en la técnica. La alineación óptima de secuencias para la comparación puede realizarse, por ejemplo, mediante el algoritmo de homología local de Smith & Waterman, *Adv. Appl. Math.* 2:482 (1981), mediante el algoritmo de alineamiento de homología de Needleman y Wunsch, *J. Mol. Biol.* 48:443 (1970), mediante el método de búsqueda por similitud de Pearson y Lipman, *Proc. Nat'l.* 85:2444 (1988), mediante implementaciones informatizadas de estos algoritmos (GAP, BESTFIT, FASTA y TFASTA en el Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI), o mediante la alineación manual y visual.

Los algoritmos que son adecuados para determinar el porcentaje de identidad de secuencia y la similitud de secuencia son los algoritmos BLAST y BLAST 2.0, que se describen en Altschul *et al.* (1990) *J. Mol. Biol.* 215: 403-410 y Altschul *et al.* (1977) *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402, respectivamente. El software para realizar los análisis de BLAST está disponible públicamente a través del sitio web del National Center for Biotechnology Information (NCBI). El algoritmo implica identificar en primer lugar pares de secuencias de alta puntuación (HSP) mediante la identificación de palabras cortas de longitud W en la secuencia de consulta, que coinciden o satisfacen alguna puntuación umbral de valor positivo T cuando se alinean con una palabra de la misma longitud en una secuencia de la base de datos. T se conoce como el umbral de puntuación de palabras adyacentes (Altschul *et al.*, *supra*). Estos aciertos de palabra adyacente iniciales actúan como semillas para iniciar búsquedas para encontrar HSP más largos que los contengan. Los aciertos de palabra entonces se prolongan en ambas direcciones a lo largo de cada secuencia todo el tiempo que pueda aumentarse la puntuación de alineación acumulativa. Las puntuaciones acumulativas se calculan usando, para las secuencias de nucleótidos, los parámetros M (puntuación de recompensa para un par de restos coincidentes; siempre > 0) y N (puntuación de penalización para restos no coincidentes; siempre < 0). Para las secuencias de aminoácidos, se usa una matriz de puntuación para calcular la puntuación acumulativa. La prolongación de los aciertos de palabra en cada dirección se detiene cuando: la puntuación de alineación acumulativa queda fuera por una cantidad X de su

valor máximo alcanzado; la puntuación acumulativa llega a cero o por debajo, debido a la acumulación de una o más alineaciones de restos de puntuación negativa; o se alcanza el final de cualquier secuencia. Los parámetros del algoritmo BLAST W, T y X determinan la sensibilidad y la velocidad de la alineación. El programa BLASTN (para secuencias de nucleótidos) usa por defecto un tamaño de palabra (W) de 28, una expectativa (E) de 10, M=1, N = -2 y una comparación de ambas cadenas. Para las secuencias de aminoácidos, el programa BLASTP usa por defecto un tamaño de palabra (W) de 3, una expectativa (E) de 10 y la matriz de puntuación BLOSUM62 (véase Henikoff y Henikoff, Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU. 89:10915 (1989)).

El algoritmo BLAST también realiza un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias (véase, por ejemplo, Karlin y Altschul, Proc. Natl. Acad. Sci. EE.UU. 90:5873-5787 (1993)). Una medida de la similitud proporcionada por el algoritmo BLAST es la probabilidad de suma más pequeña (P(N)), que proporciona una indicación de la probabilidad por la que sucedería una coincidencia entre dos secuencias de nucleótidos o aminoácidos por casualidad. Por ejemplo, un ácido nucleico se considera similar a una secuencia de referencia si la probabilidad de suma más pequeña en una comparación del ácido nucleico de prueba con el ácido nucleico de referencia es inferior a aproximadamente 0,01, más preferentemente inferior a aproximadamente  $10^{-5}$ , y lo más preferentemente inferior a aproximadamente  $10^{-20}$ .

"Variantes modificadas de manera conservativa" se aplica tanto a secuencias de aminoácidos como de ácido nucleico. Con respecto a secuencias de ácidos nucleicos particulares, las variantes modificadas de manera conservativa se refieren a aquellos ácidos nucleicos que codifican secuencias de aminoácidos idénticas o esencialmente idénticas, o cuando el ácido nucleico no codifica una secuencia de aminoácidos, a secuencias esencialmente idénticas. Debido a la degeneración del código genético, un gran número de ácidos nucleicos funcionalmente idénticos codifican cualquier proteína dada. Por ejemplo, los codones GCA, GCC, GCG y GCU codifican, todos ellos, el aminoácido alanina. Por lo tanto, en cada posición en la que una alanina se especifica mediante un codón, el codón se puede alterar a cualquiera de los codones correspondientes descritos sin alterar el polipéptido codificado. Dichas variaciones de ácido nucleico se denominan "variaciones silenciosas", que son un especie de variaciones modificadas de manera conservativa. Cada secuencia de ácido nucleico del presente documento que codifica un polipéptido también describe todas y cada una de las posibles variaciones silenciosas del ácido nucleico. Un experto reconocerá que cada codón en un ácido nucleico (excepto AUG, que habitualmente es el único codón para la metionina) puede modificarse para producir una molécula funcionalmente idéntica. En consecuencia, cada una de las variaciones silenciosas de un ácido nucleico que codifica un polipéptido está implícita en cada secuencia descrita.

En cuanto a las secuencias de aminoácidos, un experto reconocerá que las sustituciones individuales, en una secuencia de ácido nucleico, péptido, polipéptido o proteína que altera un solo aminoácido o un pequeño porcentaje de aminoácidos en la secuencia codificada es una "variante modificada de manera conservativa" en la que la alteración da como resultado la sustitución de un aminoácido con un aminoácido químicamente similar. Las tablas de sustituciones conservativas que proporcionan aminoácidos funcionalmente similares son bien conocidas en la técnica.

Cada uno de los seis grupos siguientes contienen aminoácidos que son sustituciones conservativas entre sí:

- 1) Alanina (A), Serina (S), Treonina (T);
- 2) Ácido aspártico (D), Ácido glutámico (E);
- 3) Asparagina (N), Glutamina (Q);
- 4) Arginina (R), Lisina (K);
- 5) Isoleucina (I), Leucina (L), Metionina (M), Valina (V); y
- 6) Fenilalanina (F), Tirosina (Y), Triptófano (W).

(véase, por ejemplo, Creighton, Proteins (1984)).

El término "planta" incluye plantas enteras, órganos y/o estructuras vegetativas de vástagos (por ejemplo, hojas, tallos y tubérculos), raíces, flores y órganos florales (por ejemplo, brácteas, sépalos, pétalos, estambres, carpelos, anteras), óvulos (incluidos los huevos y las células centrales), semillas (incluidos el cigoto, el embrión, el endospermo y la cubierta de semillas), frutos (por ejemplo, el ovario maduro), plántulas, tejidos de plantas (por ejemplo, tejido vascular, tejido del suelo y similares), células (por ejemplo, células protectoras, células huevo, tricomas y similares), y la progenie de los mismos. La clase de plantas que se pueden usar en los métodos de la invención incluye angiospermas (plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas), gimnospermas, helechos, briófitos y algas multicelulares y unicelulares. Incluye plantas de una diversidad de niveles de ploidía, que incluyen aneuploides, poliploides, diploides, haploides y hemicigotos.

Como se usa en el presente documento, el término "transgénico" describe una planta de origen no natural que contiene un genoma modificado por el hombre, en el que la planta incluye en su genoma una molécula de ácido nucleico exógena, que puede obtenerse de la misma o de una especie de planta diferente. La molécula de ácido nucleico exógena puede ser un elemento regulador del gen tal como un promotor, potenciador u otro elemento regulador, o puede contener una secuencia de codificación, que puede estar unida a un elemento regulador del gen heterólogo. Las plantas transgénicas que surgen del cruce sexual o por autofecundación son descendientes de dicha planta y también se consideran "transgénicas".

Como se usa en el presente documento, la expresión "resistencia a la sequía" o "tolerancia a la sequía", incluidas cualquiera de sus variaciones, se refiere a la capacidad de una planta para recuperarse de períodos de estrés por sequía (es decir, poca o ninguna agua durante un período de días). Típicamente, el estrés por sequía será de al menos 5 días y puede ser tan largo como, por ejemplo, de 18 a 20 días o más (por ejemplo, al menos 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20 días), dependiendo de, por ejemplo, la especie de planta.

Como se usa en el presente documento, las expresiones "estrés abiótico", "estrés", o "condición de estrés" se refieren a la exposición de una planta, célula de planta o similar, a un agente físico o químico no vivo ("abiótico") que tiene un efecto adverso sobre el metabolismo, el crecimiento, el desarrollo, la propagación o la supervivencia de la planta (colectivamente, "crecimiento"). Un estrés puede ser impuesto en una planta debido, por ejemplo, a un factor ambiental, tal como agua (por ejemplo, inundación, sequía, o deshidratación), condiciones anaeróbicas (por ejemplo, un menor nivel de oxígeno o un alto nivel de CO<sub>2</sub>), condiciones osmóticas anormales, salinidad o temperatura (por ejemplo, calor/calefacción, frío, congelación o escarcha), una deficiencia de nutrientes o exposición a contaminantes, o por una hormona, un segundo mensajero u otra molécula. El estrés anaeróbico, por ejemplo, se debe a una reducción en los niveles de oxígeno (hipoxia o anoxia) suficiente para producir una respuesta al estrés. Un estrés por inundación puede deberse a la inmersión prolongada o transitoria de una planta, parte de la planta, tejido o célula aislada en un medio líquido, como se produce durante el monzón, la estación húmeda, la inundación repentina o el riego excesivo de plantas, o similares. Un estrés por frío o por calor puede producirse debido a una disminución o aumento, respectivamente, en la temperatura del intervalo óptimo de temperaturas de crecimiento para una especie de planta en particular. Dichos intervalos óptimos de temperatura de crecimiento son fácilmente determinados o conocidos por los expertos en la técnica. El estrés por deshidratación puede ser inducido por la pérdida de agua, la reducción de la turgencia o la reducción del contenido de agua de una célula, tejido, órgano o planta entera. El estrés por sequía puede ser inducido o estar asociado con la privación de agua o la reducción del suministro de agua a una célula, tejido, órgano, u organismo. El estrés inducido por la salinidad (estrés salino) puede estar asociado o ser inducido por una perturbación en el potencial osmótico del entorno intracelular o extracelular de una célula. Como se usa en el presente documento, la expresión "tolerancia al estrés abiótico" o "tolerancia al estrés" se refiere al aumento de la resistencia o tolerancia al estrés abiótico de una planta en comparación con las plantas en condiciones normales y la capacidad de desempeñarse de manera relativamente superior cuando se encuentran en condiciones de estrés abiótico.

Una secuencia de polipéptidos es "heteróloga" a un organismo o una segunda secuencia de polipéptidos si se origina en una especie extraña o, si es de la misma especie, se modifica de su forma original.

## Descripción detallada de la invención

### I. Introducción

La presente invención se basa, en parte, en el descubrimiento de agonistas selectivos del ácido abscísico (ABA). A diferencia de los agonistas de ABA anteriores, los agonistas descritos en el presente documento activan de manera potente la ruta de ABA en tejidos vegetales de plantas e inducen tolerancia al estrés abiótico. Los nuevos agonistas se pueden usar para inducir tolerancia al estrés en especies de cultivos de plantas. Los agonistas se pueden usar para inducir tolerancia al estrés en especies de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas, que incluyen, pero sin limitación, brócoli, rábano, alfalfa, soja, cebada y maíz (maíz).

El ácido abscísico es una fitohormona multifuncional de una diversidad de funciones fito-protectoras que incluyen la latencia del brote, la latencia y/o la maduración de las semillas, la abscisión de hojas y frutos, y la respuesta a una amplia diversidad de estrés biológicos (por ejemplo, frío, calor, salinidad y sequía). ABA también es responsable de regular el cierre del estoma mediante un mecanismo independiente de la concentración de CO<sub>2</sub>. La familia PYR/PYL de proteínas receptoras de ABA median la señalización de ABA. Las plantas examinadas hasta la fecha expresan más de un miembro de la familia de proteínas del receptor PYR/PYL, que tienen al menos algo de actividad redundante. Las proteínas del receptor PYR/PYL median en la señalización ABA como un regulador positivo en, por ejemplo, la germinación de semillas, el crecimiento posterior a la germinación, el movimiento del estoma y la tolerancia de la planta al estrés, incluyendo, pero sin limitación, la sequía.

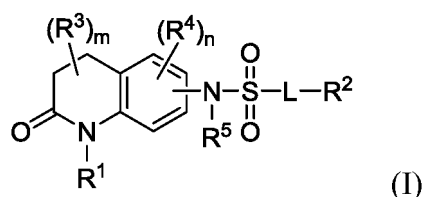
Una amplia diversidad de secuencias de polipéptidos PYR/PYL de tipo silvestre (de origen natural) son conocidas en la técnica. Aunque PYR1 se identificó originalmente como un receptor del ácido abscísico (ABA) en *Arabidopsis*, de hecho PYR1 es un miembro de un grupo de al menos 14 proteínas (proteínas PYR/PYL) en la misma familia de proteínas en *Arabidopsis* que también median la señalización de ABA. Esta familia de proteínas también está presente en otras plantas (véase, por ejemplo, la LISTA DE SECUENCIAS) y se caracteriza en parte por la presencia de uno o más o todos de un dominio de policétido ciclase 2 (PF10604), un dominio de policétido ciclase 1 (PF03364), y un dominio de Bet VI (PF03364). El dominio de la superfamilia START/Bet v 1 se describe, por ejemplo, en Radauer, BMC Evol. Biol. 8:286 (2008). En algunas realizaciones, un polipéptido del receptor PYR/PYL de tipo silvestre comprende cualquiera de las SEQ ID NO:1-119. En algunas realizaciones, un polipéptido del receptor PYR/PYL de tipo silvestre es sustancialmente idéntico a (por ejemplo, al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % idéntico a) cualquiera de las SEQ ID NO:1-119. En algunas realizaciones, un polipéptido del receptor PYR/PYL es sustancialmente idéntico a (por ejemplo, al menos 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % idénticos a) cualquiera de la SEQ ID NO:1, 2, 3, 4, 5, 6, 7,

8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118 o 119.

## II. Agonistas de ABA

La presente invención proporciona agonistas de ABA de molécula pequeña, es decir, compuestos que activan proteínas PYR/PYL. Los agonistas de ABA ejemplares incluyen, por ejemplo, un compuesto seleccionado de entre los siguientes:

Un compuesto de Fórmula I:



en la que

R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C<sub>1-6</sub>, alqueno C<sub>2-6</sub>, alquino C<sub>2-6</sub>, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo,

R² se selecciona de entre el grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R<sup>2a</sup>,

cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C<sub>1-6</sub>, alcoxi C<sub>1-6</sub>, haloalquilo C<sub>1-6</sub>, haloalcoxi C<sub>1-6</sub>, alqueno C<sub>2-6</sub>, alquino C<sub>2-6</sub>, -OH, alquilhidroxi C<sub>1-6</sub>, -CN, -NO<sub>2</sub>, -C(O)R<sup>2b</sup>, -C(O)OR<sup>2b</sup>, -OC(O)R<sup>2b</sup>, -C(O)NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, -NR<sup>2b</sup>C(O)R<sup>2c</sup>, -SO<sub>2</sub>R<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>OR<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, y -NR<sup>2b</sup>SO<sub>2</sub>R<sup>2c</sup>,

cada uno de R<sup>2b</sup> y R<sup>2c</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>,

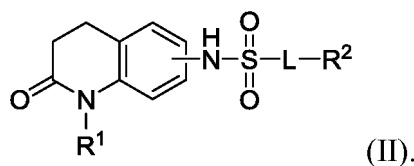
cada uno de R³, R⁴ y R⁵ se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>,

L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alqueno C<sub>1-6</sub>, el subíndice m es un número entero de 0 a 4, el subíndice n es un número entero de 0 a 3,

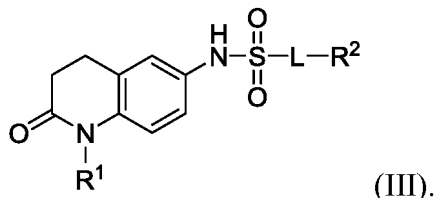
o una sal o isómero del mismo;

en la que la sulfonamida -N(R⁵)SO<sub>2</sub>LR² está en la posición 6.

Los compuestos que tienen la Fórmula (II) se divulgan en el presente documento:



En algunas realizaciones, el compuesto tiene la fórmula (III):



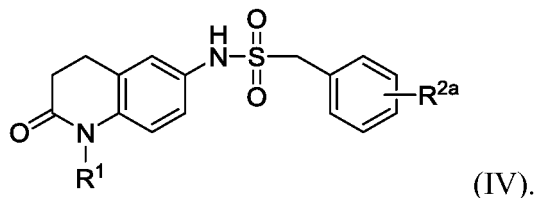
En algunas realizaciones, R¹ es alquilo C<sub>1-6</sub> y R² se selecciona de entre el grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R<sup>2a</sup>.

En algunas realizaciones, cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno y alquilo C<sub>1-6</sub>.

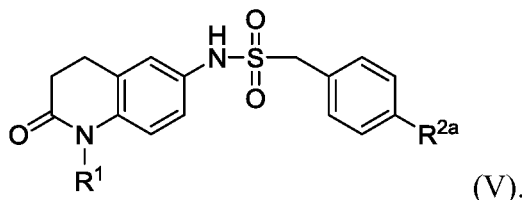
En algunas realizaciones, R² se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo, naftilo, tiofeno, furano, pirrolo y piridilo.

En algunas realizaciones,  $R^1$  se selecciona de entre el grupo que consiste en metilo, etilo, propilo, isopropilo, butilo, isobutilo, sec-butilo, *tert*-butilo, pentilo, isopentilo, neo-pentilo y hexilo;  $R^2$  se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo y tiofeno, cada uno opcionalmente sustituido con 1 grupo  $R^{2a}$ ; cada  $R^{2a}$  se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, F, Cl, metilo y etilo; y L se selecciona de entre el grupo que consiste en un enlace y metileno.

En algunas realizaciones, el compuesto tiene la fórmula (IV):

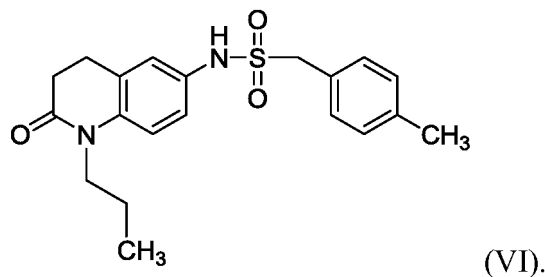


En algunas realizaciones, el compuesto tiene la fórmula (V):



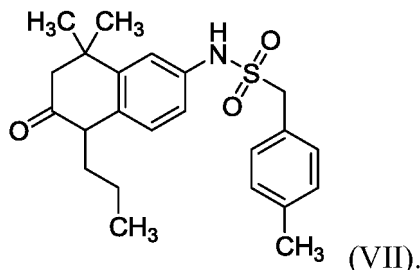
En algunas realizaciones, el compuesto es uno de los compuestos que se muestran en la Figura 8.

En algunas realizaciones, el compuesto tiene la fórmula (VI):



El compuesto que tiene la fórmula (VI) también se denomina LC66C6 o quinabactina (1-(4-metilfenil)-N-(2-oxo-1,2,3,4-tetrahidroquinolin-6-il)metanosulfonamida). Los compuestos descritos anteriormente se identificaron seleccionando una biblioteca de compuestos estructuralmente diversos adquiridos en Life Chemicals (Orange, CT).

En algunas realizaciones, el compuesto tiene la fórmula (VII):



Los compuestos descritos anteriormente se pueden sintetizar usando métodos bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, los compuestos basados en el mismo armazón químico se sintetizaron como se describe en la patente de EE.UU. n.º 5.498.755 y la patente de EE.UU. n.º 6.127.382.

### III. Formulaciones agonistas de ABA

La presente invención proporciona formulaciones químicas agrícolas formuladas para ponerse en contacto con

plantas, en las que la formulación comprende un agonista de ABA de la presente invención. En algunas realizaciones, las plantas que se ponen en contacto con los agonistas comprenden o expresan un polipéptido PYR/PYL endógeno. En algunas realizaciones, las plantas que se ponen en contacto con los agonistas no comprenden ni expresan un polipéptido PYR/PYL heterólogo (por ejemplo, las plantas no son transgénicas o son transgénicas pero expresan proteínas heterólogas distintas de las proteínas PYR/PYL heterólogas). En algunas realizaciones, las plantas que se ponen en contacto con los agonistas sí comprenden o expresan un polipéptido PYR/PYL heterólogo como se describe en el presente documento.

Las formulaciones pueden ser adecuadas para tratar plantas o material de propagación de plantas, tales como semillas, de acuerdo con la presente invención, por ejemplo, en un portador. Los aditivos adecuados incluyen agentes tamponantes, agentes humectantes, agentes de recubrimiento, polisacáridos y agentes abrasivos. Los portadores ejemplares incluyen agua, soluciones acuosas, suspensiones, sólidos y polvos secos (por ejemplo, turba, trigo, salvado, vermiculita, arcilla, tierra pasteurizada, muchas formas de carbonato de calcio, dolomita, diversos grados de yeso, bentonita y otros minerales de arcilla, roca fosfórica y otros compuestos de fósforo, dióxido de titanio, humus, talco, alginato y carbón activado. Cualquier portador adecuado desde el punto de vista agrícola conocido por un experto en la técnica sería aceptable y se contempla para su uso en la presente invención. Opcionalmente, las formulaciones también pueden incluir al menos un tensioactivo, herbicida, fungicida, plaguicida o fertilizante.

En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende al menos uno de un tensioactivo, un herbicida, un plaguicida, tal como, pero sin limitación, un fungicida, un bactericida, un insecticida, un acaricida y un nematocida, un activador de plantas, un sinergista, un protector de herbicidas, un regulador del crecimiento de la planta, un repelente de insectos o un fertilizante.

En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más herbicidas seleccionados de entre el grupo que consiste en: paraquat (592), mesotriona (500), sulcotriona (710), clomazona (159), fentrazamida (340), mefenacet (491), oxaziclonofona (583), indanofan (450), glifosato (407), prosulfocarb (656), molinato (542), triasulfuron (773), halosulfuron-metil (414) y pretilaclor (632). Los principios activos herbicidas anteriores se describen, por ejemplo, en "The Pesticide Manual", Editor CDS Tomlin, 12ª edición, British Crop Protection Council, 2000, con los números de entrada añadidos entre paréntesis; por ejemplo, la mesotriona (500) se describe en el mismo con el número de entrada 500. Los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en el documento US 7.338.920.

En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más fungicidas seleccionados de entre el grupo que consiste en: sedaxano, fludioxonilo, pentiopirad, protioconazol, flutriafol, difenoconazol, azoxistrobina, captano, ciproconazol, ciprodinilo, boscalid, diniconazol, epoxiconazol, fluoxastrobina, trifloxistrobina, metalaxilo, metalaxil-M (mefenoxam), fluquinconazol, fenarimol, nuarimol, pirifenox, piraclostrobina, tiabendazol, tebuconazol, triadimenol, benalaxilo, benalaxil-M, benomilo, carbendazima, carboxina, flutolanilo, fuberizadol, guazatina, miclobutanilo, tetraconazol, imazalilo, metconazol, bitertanol, cimoxanilo, ipconazol, iprodiona, procloraz, pencicurón, propamocarb, siltiofam, tiram, triazóxido, triticonazol, toliifluanida, y un compuesto de manganeso (tal como mancozeb, maneb). En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más de un insecticida, un acaricida y/o nematocida seleccionado de entre el grupo que consiste en: tiametoxam, imidacloprid, clotianidina, lambda-cihalotrina, teflutrina, beta-ciflutrina, permetrina, abamectina, fipronil y spinosad. Los detalles (por ejemplo, estructura, nombre químico, nombres comerciales, etc.) de cada uno de los plaguicidas anteriores con un nombre común se pueden encontrar en e-Pesticide Manual, versión 3.1, 13ª edición, ed. CDC Tomlin, British Crop Protection Council, 2004-05. Los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en el documento US 8.124.565.

En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más fungicidas seleccionados de entre el grupo que consiste en: Ciprodinil((4-ciclopropil-6-metil-pirimidin-2-il)-fenilamina) (208), Dodina (289); Clorotalonil (142); Folpet (400); Protioconazol (685); Boscalid (88); Proquinazid (682); Ditianon (279); Fluazinam (363); Ipconazol (468); y Metrafenona. Algunos de los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en "The Pesticide Manual" The Pesticide Manual [The Pesticide Manual--A World Compendium; decimotercera edición; editor: CDS Tomlin; The British Crop Protection Council, 2003], con los números de entrada añadidos entre paréntesis. Los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en el documento US 8.349.345.

En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más fungicidas seleccionados de entre el grupo que consiste en: fludioxonilo, metalaxilo y un fungicida de estrobilurina, o una mezcla de los mismos. En algunas realizaciones, el fungicida de estrobilurina es azoxistrobina, picoxistrobina, kresoxim-metilo o trifloxistrobina. En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más de un insecticida seleccionado de entre un fenilpirazol y un neonicotinoide. En algunas realizaciones, el fenilpirazol es fipronil y el neonicotinoide se selecciona de entre tiametoxam, imidacloprid, tiacloprid, clotianidina, nitenpiram y acetamiprid. Los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en el documento US 7.071.188. En algunas realizaciones, la formulación química agrícola comprende una cantidad efectiva de uno o más plaguicidas biológicos, incluyendo, pero sin limitación, *Pasteuria* spp., *Paecilomyces*, *Pochonia chlamydosporia*, *metabolitos de Myrothecium*, *compuestos volátiles de Muscodor*, *Tagetes* spp., *Bacillus firmus*, incluida *Bacillus firmus* CNCM 1-1582.

#### IV. Aplicación a las plantas

Las formulaciones y composiciones agonistas de ABA se pueden aplicar a las plantas usando una diversidad de métodos conocidos, por ejemplo, pulverizando, atomizando, recubriendo por inmersión, vertiendo, irrigando, espolvoreando o esparciendo las composiciones sobre el material de propagación, o cepillando o vertiendo o poniendo en contacto de otro modo las composiciones sobre la planta o, en el caso de las semillas, recubriendo, encapsulando, pulverizando, recubriendo por inmersión, sumergiendo la semilla en una composición líquida, o tratando de otro modo la semilla. En una alternativa al tratamiento directo de una planta o semilla antes de plantar, las formulaciones de la invención también pueden introducirse en el suelo u otro medio en el que se va a plantar la semilla. Por ejemplo, las formulaciones pueden introducirse en el suelo rociando, dispersando, vertiendo, irrigando o tratando de otro modo el suelo. En algunas realizaciones, también se usa un portador en esta realización. El portador puede ser sólido o líquido, como se ha indicado anteriormente. En algunas realizaciones, la turba se suspende en agua como un portador del agonista de ABA, y esta mezcla se pulveriza en el suelo o el medio de plantación y/o sobre la semilla que está plantada.

Los tipos de plantas que pueden tratarse con los agonistas de ABA descritos en el presente documento incluyen especies de plantas tanto monocotiledóneas como dicotiledóneas, que incluyen cereales tales como cebada, centeno, sorgo, triticale, avena, arroz, trigo, soja y maíz; remolachas (por ejemplo, remolacha azucarera y remolacha forrajera); cucurbitáceas que incluyen pepino, melón, almizcleño, melón, calabaza y sandía; los cultivos de kale, incluyendo el brócoli, el repollo, la coliflor, el bok choy y otras verduras de hoja verde, otras verduras incluyendo el tomate, el pimiento, la lechuga, las judías, los guisantes, la cebolla, el ajo y el cacahuete; cultivos oleaginosos incluidos canola, cacahuete, girasol, colza y soja; plantas solanáceas incluyendo tabaco; cultivos de tubérculos y raíces incluyendo patata, ñame, rábano, remolacha, zanahorias y batatas; frutas incluyendo la fresa; cultivos de fibra incluyendo algodón y cáñamo; otras plantas incluyendo café, plantas para transplante, plantas perennes, plantas ornamentales leñosas, césped y flores cortadas, incluyendo claveles y rosas; caña de azúcar; cultivos de árboles en contenedores; árboles de hoja perenne incluyendo el abeto y el pino; árboles de hoja caduca incluyendo el arce y el roble; y árboles frutales y de frutos secos que incluyen cereza, manzana, pera, almendras, melocotón, nuez y cítricos.

Se entenderá que los agonistas de ABA descritos en el presente documento imitan la función de ABA en las células. Por lo tanto, se espera que una o más respuestas celulares desencadenadas al poner en contacto la célula con ABA también se activarán al poner en contacto la célula con los agonistas de ABA descritos en el presente documento. Los agonistas de ABA descritos en el presente documento imitan la función de ABA y se proporcionan en una formulación útil.

En algunas realizaciones, la aplicación de los agonistas de ABA descritos en el presente documento aumenta la resistencia al estrés abiótico de una planta.

En algunas realizaciones, la aplicación de los agonistas de ABA descritos en el presente documento a semillas inhibe la germinación de las semillas.

La presente invención también proporciona plantas en contacto con las formulaciones de ABA descritas en el presente documento. La planta en contacto con la formulación ABA puede incluir una parte de la planta y/o una semilla.

#### V. Detección de nuevos agonistas y antagonistas de ABA

En el presente documento se divulgan métodos de detección de agonistas químicos supuestos para determinar si el agonista supuesto agoniza un polipéptido del receptor PYR/PYL, cuando el agonista supuesto se pone en contacto con el polipéptido del receptor PYR/PYL. Como se usa en el presente documento, un agente "agoniza" una proteína del receptor PYR/PYL si la presencia del agente da como resultado la activación o la regulación positiva de la actividad del receptor, por ejemplo, para aumentar la señalización corriente abajo del receptor PYR/PYL. Para la presente divulgación, un agente agoniza un receptor PYR/PYL si, cuando el agente está presente a una concentración no mayor que 200  $\mu$ M, el contacto del agente con el receptor PYR/PYL da como resultado la activación o la regulación positiva de la actividad del receptor PYR/PYL. Si un agente no induce la activación o la regulación positiva de la actividad de una proteína del receptor PYR/PYL cuando el agente está presente en una concentración no mayor que 200  $\mu$ M, entonces el agente no agoniza significativamente el receptor PYR/PYL. Como se usa en el presente documento, la "activación" requiere que el agente induzca un umbral mínimo de actividad. Se puede lograr determinar si se ha alcanzado este umbral mínimo de actividad, por ejemplo, mediante el uso de un ensayo de fosfatasa enzimática que establece un valor mínimo para el nivel de actividad enzimática que debe inducirse, o mediante el uso de un ensayo de fosfatasa enzimática en presencia de un reactivo de detección colorimétrico (por ejemplo, para-nitrofenilfosfato) en el que se ha alcanzado el umbral mínimo de actividad si se observa un cambio de color.

En el presente documento también se divulgan métodos de detección de agonistas y antagonistas de ABA mediante la detección de la capacidad de una molécula para inducir la unión de PYR/PYL-PP2C en el caso de agonistas, o para interrumpir la capacidad de ABA y otros agonistas para promover la unión de PYR/PYL-PP2C en el caso de los antagonistas. Se pueden utilizar varios protocolos de detección diferentes para identificar agentes que agonizan o antagonizan un polipéptido PYR/PYL.



La detección puede realizarse usando reactivos aislados, purificados o parcialmente purificados. En algunas realizaciones, se puede usar polipéptido PYR/PYL purificado o parcialmente purificado.

Como alternativa, pueden usarse métodos de detección basados en células. Por ejemplo, se pueden usar células que expresan naturalmente un polipéptido PYR/PYL o que expresan de manera recombinante un polipéptido PYR/PYL. En algunas realizaciones, las células usadas son células de plantas, células animales, células bacterianas, células fúngicas, que incluyen pero sin limitación células de levadura, células de insecto o células de mamíferos. En términos generales, los métodos de detección implican detectar una pluralidad de agentes para identificar un agente que modula la actividad de un polipéptido PYR/PYL, por ejemplo, uniéndose a un polipéptido PYR/PYL, o activando un polipéptido PYR/PYL o aumentando la expresión de un polipéptido PYR/PYL, o un transcrito que codifica un polipéptido PYR/PYL.

### 1. Ensayos de unión a polipéptidos PYR/PYL

Opcionalmente, se pueden realizar exámenes preliminares mediante la detección de agentes capaces de unirse a un polipéptido PYR/PYL, ya que al menos algunos de los agentes así identificados son probablemente moduladores del polipéptido PYR/PYL.

Los ensayos de unión pueden implicar poner en contacto un polipéptido PYR/PYL con uno o más agentes de prueba y dejar suficiente tiempo para que la proteína y los agentes de prueba formen un complejo de unión. Cualquier complejo de unión formado se puede detectar usando cualquiera de una serie de técnicas analíticas establecidas. Los ensayos de unión a proteínas incluyen, pero sin limitación, métodos que miden la precipitación conjunta o la migración conjunta en geles de SDS-poliacrilamida no desnaturalizantes y la migración conjunta en transferencias Western (véase, por ejemplo, Bennet, JP y Yamamura, HI (1985) "Neurotransmitter, Hormone or Drug Receptor Binding Methods," in Neurotransmitter Receptor Binding (Yamamura, HI, *et al.*, eds.), págs. 61-89). Otros ensayos de unión involucran el uso de técnicas de espectrometría de masas o RMN para identificar moléculas unidas al polipéptido PYR/PYL o desplazamiento de sustratos marcados (por ejemplo, ABA marcado). La proteína polipeptídica PYR/PYL utilizada en dichos ensayos puede expresarse, clonarse o sintetizarse de forma natural.

### 2. Actividad

Los agonistas del polipéptido PYR/PYL pueden identificarse mediante la detección de agentes que activan o aumentan la actividad de un polipéptido PYR/PYL. Los antagonistas pueden identificarse reduciendo la actividad.

Un ensayo de actividad implica probar si un agonista candidato puede inducir la unión de una proteína PYR/PYL a un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) en una forma específica de agonista. Enfoques de dos híbridos de mamíferos o levaduras (véase, por ejemplo, Bartel, PL *et al. Methods Enzymol*, 254:241 (1995)) puede usarse para identificar polipéptidos u otras moléculas que interactúan o se unen cuando se expresan juntos en una célula. En algunas realizaciones, los agentes que agonizan un polipéptido PYR/PYL se identifican en un ensayo de dos híbridos entre un polipéptido PYR/PYL y un polipéptido de proteína fosfatasa de tipo 2 (PP2C) (por ejemplo, ABI1 o 2 o sus ortólogos, por ejemplo, de la subfamilia del grupo A de PP2Cs), en el que un agonista de ABA se identifica como un agente que activa o permite la unión del polipéptido PYR/PYL y el polipéptido PP2C. Por lo tanto, los dos polipéptidos se unen en presencia, pero no en ausencia del agente. En algunas realizaciones, un compuesto o agente químico se identifica como un agonista de una proteína PYR/PYL si la célula de levadura se vuelve azul en el ensayo de dos híbridos de levadura.

La función bioquímica de las proteínas PYR1 y PYR/PYL en general, es inhibir la actividad PP2C. Esto se puede medir en células vivas usando los métodos de dos híbridos de levadura u otros basados en células. También se puede medir *in vitro* usando ensayos de fosfatasa enzimática en presencia de un reactivo de detección colorimétrico (por ejemplo, para-nitrofenilfosfato). El ensayo basado en levadura usado anteriormente proporciona un indicador indirecto de la unión del ligando. Para abordar esta posible limitación, se pueden usar ensayos de competición *in vitro*, o ensayos basados en células que usan otros organismos, como enfoques alternativos para identificar compuestos diana de unión débil.

### 3. Ensayos de expresión

La detección de un compuesto que aumenta la expresión de un polipéptido PYR/PYL también se divulga en el presente documento. Los métodos de detección generalmente implican la realización de ensayos basados en células o basados en plantas en los cuales los compuestos de prueba se ponen en contacto con una o más células que expresan el polipéptido PYR/PYL, y luego detectan un aumento en la expresión de PYR/PYL (ya sea un transcrito o un producto de traducción). Los ensayos pueden realizarse con células que expresan de forma natural PYR/PYL o en células alteradas de forma recombinante para expresar PYR/PYL, o en células alteradas de forma recombinante para expresar un gen indicador bajo el control del promotor PYR/PYL.

Se pueden realizar diversos controles para asegurar que la actividad observada sea auténtica, incluyendo la ejecución de reacciones paralelas con células que carecen de la construcción indicadora o al no contactar una célula que alberga la construcción indicadora con el compuesto de prueba.

#### **4. Validación**

Los agentes que se identifican inicialmente por cualquiera de los métodos de detección anteriores se pueden probar adicionalmente para validar la actividad aparente y/o determinar otros efectos biológicos del agente. En algunos casos, el agente identificado se prueba para determinar la capacidad de afectar el estrés de la planta (por ejemplo, la tolerancia a la sequía), la germinación de las semillas u otro fenotipo afectado por ABA. Una serie de dichos ensayos y fenotipos son conocidos en la técnica y pueden emplearse de acuerdo con los métodos divulgados en el presente documento.

#### **5. Ensayos en fase sólida y alto rendimiento soluble**

En los ensayos de alto rendimiento de la divulgación, es posible detectar hasta varios miles de moduladores o ligandos diferentes en un solo día. En particular, cada pocillo de una placa de microtitulación se puede usar para ejecutar un ensayo separado contra un modulador potencial seleccionado o, si se observan efectos de concentración o tiempo de incubación, cada 5-10 pocillos puede probar un solo modulador. Por lo tanto, una única placa de microtitulación convencional puede determinar aproximadamente 100 (por ejemplo, 96) moduladores. Si se usan placas de 1536 pocillos, entonces una sola placa puede determinar fácilmente de aproximadamente 100 a aproximadamente 1500 compuestos diferentes. Es posible determinar varias placas diferentes por día; son posibles exámenes de análisis de hasta aproximadamente 6.000-20.000 o más compuestos diferentes usando los sistemas integrados divulgados en el presente documento. Además, se pueden usar enfoques microfluídicos para la manipulación de reactivos.

La molécula de interés (por ejemplo, PYR/PYL o una célula que expresa un polipéptido PYR/PYL) puede unirse al componente del estado sólido, directa o indirectamente, a través del enlace covalente o no covalente.

En el presente documento se divulgan ensayos *in vitro* para identificar, en un formato de alto rendimiento, compuestos que pueden modular la expresión o actividad de PYR/PYL.

La resistencia al estrés abiótico puede determinarse de acuerdo con cualquiera de una serie de técnicas bien conocidas. Por ejemplo, para la tolerancia a la sequía, las plantas se pueden cultivar en condiciones en las que se proporciona menos agua que la óptima a la planta. La resistencia a la sequía se puede determinar mediante una serie de medidas convencionales que incluyen la presión de turgor, el crecimiento, el rendimiento y similares.

#### **VI. Métodos de aumento de la tolerancia al estrés abiótico en plantas**

La presente invención también proporciona métodos para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en una planta. Por lo tanto, en algunas realizaciones, una planta se pone en contacto con un agonista de ABA descrito en el presente documento, o una formulación de agonista de ABA, en una cantidad suficiente para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en la planta. La cantidad de la formulación del agonista de ABA aplicada a la planta puede ser suficiente para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en comparación con no poner en contacto la planta con la formulación del agonista de ABA. La planta puede ponerse en contacto con la formulación ABA usando cualquiera de los métodos descritos en el presente documento. El aumento en la tolerancia al estrés abiótico puede mejorar el crecimiento y/o la supervivencia de las plantas en condiciones de estrés abiótico que afectan negativamente el crecimiento o la supervivencia de la planta. El estrés abiótico incluye las condiciones físicas o químicas descritas en el presente documento.

#### **VII. Métodos de inhibición de la germinación de semillas en una planta**

La presente invención también proporciona métodos para inhibir la germinación de semillas. Por lo tanto, en algunas realizaciones, una planta, una parte de la planta o una semilla se ponen en contacto con una formulación de agonista de ABA en una cantidad suficiente para inhibir la germinación de la semilla. La semilla puede ponerse en contacto con la formulación de ABA usando cualquiera de los métodos descritos en el presente documento. En algunas realizaciones, la semilla se pone en contacto directamente con la formulación del agonista de ABA. En algunas realizaciones, el suelo o el terreno se ponen en contacto con la formulación del agonista de ABA antes o después de plantar o sembrar las semillas. En algunas realizaciones, una planta se pone en contacto con suficiente formulación del agonista de ABA para inhibir la germinación de semillas que luego se desarrollan a partir de la planta.

#### **VIII. Métodos de activación de polipéptidos del receptor PYR/PYL**

La presente invención también proporciona métodos para activar un polipéptido del receptor PYR/PYL. En algunas realizaciones, un polipéptido PYR/PYL se pone en contacto con un compuesto descrito anteriormente, y el polipéptido PYR/PYL activado se une a un polipéptido PP2C. En algunas realizaciones, el polipéptido PYR/PYL es capaz de ser activado por el compuesto agonista LC66C6. En algunas realizaciones, la proteína PYR/PYL que se activa es sustancialmente idéntica a cualquiera de las SEQ ID NO:1-119. Ejemplos de secuencias de receptores de ABA de diversas plantas se proporcionan en la publicación de patente de EE.UU. 2011/0271408.

En algunas realizaciones, el método activa un receptor PYR/PYL en un ensayo *in vitro* sin células. En algunas realizaciones, el método activa un receptor PYR/PYL expresado en una célula. En algunas realizaciones, la célula también expresa un polipéptido PP2C. En algunas realizaciones, la célula es una célula de planta. En algunas realizaciones, la célula es una célula animal o de mamífero. En algunas realizaciones, la célula expresa una proteína PYR/PYL endógena. En algunas realizaciones, la célula está diseñada por ingeniería para expresar un polipéptido PYR/PYL heterólogo. En algunas realizaciones, la célula expresa un polipéptido PP2C heterólogo. En algunas realizaciones, la célula expresa un polipéptido PP2C seleccionado de entre HAB1 (homología con ABI1), ABI1 o ABI2.

En algunas realizaciones, el polipéptido PYR/PYL activado induce la expresión de genes heterólogos. En algunas realizaciones, los genes heterólogos son genes sensibles a ABA. En algunas realizaciones, la expresión génica inducida se produce en células que expresan un polipéptido PYR/PYL endógeno. En algunas realizaciones, la expresión génica inducida se produce en células que expresan un polipéptido PYR/PYL heterólogo.

## Ejemplos

### Ejemplo 1

Este ejemplo demuestra que los novedosos agonistas de ABA descritos en el presente documento se unen y activan múltiples receptores PYR/PYL.

## Métodos

### Detección química

Un sistema de dos híbridos de levadura descrito anteriormente se usó en detectores de alto rendimiento (HTS) para identificar agonistas de ABA (véase, Peterson FC, *et al.* (2010) Structural basis for selective activation of ABA receptors. *Nature Structural Biology y Molecular Biology* 17 (9): 1109-1111). En este sistema, la interacción receptor-PP2C promovida por agonistas impulsa la expresión de un gen indicador URA3 o HIS3 y rescata la auxotrofia de uracilo o histidina de cepas parentales (Peterson FC, *et al.* (2010); Vidal M, Brachmann RK, Fattaey A, Harlow E, & Boeke JD (1996) Reverse two-hybrid and one-hybrid systems to detect dissociation of protein-protein and DNA-protein interactions. *Actas de la National Academy of Sciences de los Estados Unidos de América* 93(19):10315-10320). Se realizaron HTS usando 5 cepas indicadoras diferentes que expresan fusiones de dominio de unión (BD) a PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 o PYL4; estos fueron expresados conjuntamente con fusiones de dominio de activación (AD) a HAB1 (pACT-HAB1); las construcciones usadas se han descrito anteriormente (Park *et al.* 2009). Los investigadores usan estas cepas en dos detectores separados. En la primera detección se determinaron ~65.000 compuestos obtenidos en Chembridge (San Diego, EE. UU.) para determinar la actividad agonista usando un ensayo de halo, esencialmente como lo describe Gassner NC, *et al.* (2007) (acelerando el descubrimiento de moléculas pequeñas biológicamente activas usando un ensayo de halo de levadura de alto rendimiento. *Journal of Natural Products* 70 (3):383-390). En este método, las cepas de levadura se embeben en agar selectivo y los compuestos se transfieren mediante clavijas de soluciones madre de DMSO 10 mM a placas de ensayo; los aciertos son evidentes por el aumento de la densidad celular en la vecindad de los compuestos activos. Los experimentos que usaron el ensayo de halo usaron la cepa de levadura PJ69-4A y los medios suplementados con 3-aminotriazol 10 mM para mejorar las selecciones. Los detectores de halo se configuraron usando un Biomek FX equipado con una microplaca hotel automatizada (Thermo Cytomat) y una herramienta de 384 clavijas (V & P Scientific), que se usó para detectar compuestos en las placas de ensayo. Antes de cada transferencia química, las clavijas se lavaron en una mezcla 1:1 de DMSO/agua seguido de un lavado con etanol al 95 %. Después de la transferencia química, las placas se incubaron a 28 °C y los agonistas candidatos se evidenciaron mediante inspección manual.

Aunque el método de detección de halo es poderoso desde la perspectiva del rendimiento, los investigadores posteriormente emplearon un método de detección más convencional para una segunda detección de una biblioteca de 12.000 miembros obtenida en Life Chemicals (Ucrania). Este cambio fue motivado por el deseo de controlar mejor la concentración del ensayo. En la segunda detección de los investigadores, las construcciones indicadoras se expresaron en la cepa de levadura MAV99, que permite selecciones basadas en uracilo a través de un transgén URA3 impulsado por el promotor GAL1 (Peterson FC, *et al.* (2010)). Los compuestos de la detección se añadieron a medios de uracilo selectivo sembrados con cepas indicadoras en formato de placa de 96 pocillos a una concentración final de 25 µM; el crecimiento de levadura se inspeccionó manualmente después de ~3 días. Los compuestos se transfirieron a los pocillos de detección de soluciones madre de 2,5 mM usando un manipulador de líquidos Biomek FX.

Como tercer enfoque de detección, la biblioteca de Life Chemicals también se examinó en busca de inhibidores de la germinación de *Arabidopsis* en medio de agar solidificado que contiene 0,5 X sales de MS, sacarosa al 0,5 % y compuesto de prueba 25 µM. Los aciertos del ensayo de germinación se probaron posteriormente en ensayos de dos híbridos de levadura. Los compuestos encontrados se reabastecieron de sus proveedores originales y se usaron en detectores secundarios y la caracterización de compuestos. La quinabactina y sus análogos se adquirieron en Life Chemicals.

## Ensayo de actividad PP2C

Las proteínas HAB1 y PYL se expresaron y se purificaron como se describió anteriormente (Park SY, *et al.* (2009) Absciscic Acid Inhibits Type 2C Protein Phosphatases via the PYR/PYL Family of START Proteins. *Science* 324 (5930): 1068-1071), con modificaciones menores. Para obtener las proteínas de fusión GST-HAB1, -ABI1 y -ABI2, el ADNc de HAB1 se clonó en pGex-2T mientras que los ADNc de ABI1 y ABI2 se clonaron en el vector pGex-4T-1. La expresión se realizó en células huésped BL21 [DE3] pLysS. Las células transformadas se cultivaron previamente durante una noche, se transfirieron a medio LB y se cultivaron a 30 °C para cultivar A<sub>600</sub> de ~0,5. El cultivo se enfrió luego en hielo y se añadió MnCl<sub>2</sub> a 4 mM e IPTG a 0,3 mM. Después de 16 h de incubación a 15 °C, las células se recolectaron y las proteínas recombinantes se purificaron en agarosa glutatión como se describió anteriormente (Park SY *et al.* (2009). Para obtener las proteínas de fusión del receptor 6XHis-PYL, los ADNc del receptor para los 13 receptores ABA se clonaron en el vector pET28 y se expresaron y purificaron como se describió anteriormente (Mosquna A, *et al.* (2011) Potent and selective activation of abscisic acid receptors *in vivo* by mutational stabilization of their agonist-bound conformation. *PNAS* 108 (51):20838-20843); esto produjo proteína soluble y funcional (evaluada usando ensayos de inhibición de PP2C mediados por receptor) para todos los receptores excepto PYL7, PYL11 y PYL12. Por lo tanto, estos tres receptores se expresaron alternativamente como proteínas de fusión de unión a maltosa (MBP) usando el vector pMAL-c; la expresión de estas construcciones se llevó a cabo en la cepa huésped BL21 [DE3] pLysS con las mismas condiciones de inducción usadas para GST-HAB1. Las proteínas de fusión MBP-PYL recombinantes se purificaron a partir de lisado por ultrasonidos y aclarado con resina de amilosa (New England Biolab, Inc.) usando las instrucciones de purificación del fabricante. Este esfuerzo produjo una proteína de fusión MBP-PYL11 activa, pero fracasó para PYL7 y PYL12.

Los ensayos de actividad de PP2C usando receptores recombinantes y PP2Cs se llevaron a cabo de la siguiente manera: Las proteínas purificadas se incubaron previamente en tampón de ensayo de 80 µl que contenía MnCl<sub>2</sub> 10 mM, 3 µg de albúmina de suero bovino y 2-mercaptoetanol al 0,1 % con ABA o agonista de ABA durante 30 minutos a 22 °C. Las reacciones se iniciaron añadiendo 20 µl de una solución de reacción que contenía Tris-OAc 156 mM, pH 7,9, KOAc 330 mM y fosfato de 4-metilumbeliferilo 5 mM, después de lo cual se recogieron las mediciones de fluorescencia de inmediato usando un filtro de excitación de 355 nm y un filtro de emisión de 460 nm en un lector de placa Wallac. Las reacciones contenían PP2C 50 nM y proteínas PYR/PYL 100 nM, respectivamente.

La Figura 1A muestra un grupo representativo de agonistas de ABA. Como se muestra en la Figura 1B, los múltiples receptores de PYR/PYL son activados por varios agonistas, incluyendo LC66C6, en un ensayo de dos híbridos de levadura. Este ensayo informa sobre la interacción física promovida por agonistas de las proteínas PYR/PYL y las proteínas PP2C del clado A cuando un receptor específico y PP2C se fusionan con la activación de GAL4 y los dominios de unión al ADN respectivamente, como se describió anteriormente (Park *et al.* 2009). Estos ensayos basados en la levadura indican que LC66C6 es un agonista de múltiples receptores PYR/PYL, a diferencia del agonista descrito anteriormente, la pirabactina, que tiene una selectividad del receptor mucho mayor que ABA o el nuevo agonista LC66C6. Como se ha descrito anteriormente, la unión de un receptor a un clado A PP2C promovido por los agonistas inhibe la actividad fosfatasa de PP2C. En la *Arabidopsis*, hay 14 receptores PYR/PYL, 13 de los cuales pueden mediar respuestas ABA en un sistema de ensayo basado en protoplastos (Fujii *et al.* 2009). Para examinar más de cerca la selectividad de LC66C6, los investigadores intentaron expresar y purificar las proteínas 6X-His-PYR/PYL recombinantes para los 14 miembros y recuperaron los receptores sensibles a ABA para todos los receptores excepto PYL7, 12 y 13, que no pudieron producirse en formas activas por razones técnicas. Este estudio de panel de receptores recombinantes permite un retrato casi completo de una actividad agonista de ABA en miembros de la familia de receptores PYR/PYL de *Arabidopsis*. Como se muestra en la Figura 2, la actividad de la enzima PPC2 de HBA1, ABI1 y ABI2 se inhibe en > 90 % por ABA 10 µM en presencia de todos los receptores de ABA probados (Figura 2B). En respuesta a LC66C6 (quinabactina), se observó > 70 % de inhibición de PP2C de HBA1, ABI1 y ABI2 con los receptores PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 y PYL5.

Para caracterizar mejor la actividad de la quinabactina y definir su selectividad del receptor, se realizaron ensayos de inhibición de PP2C mediados por receptor usando 10 receptores recombinantes en combinación con los PP2Cs HAB1, ABI1 o ABI2. Estos experimentos mostraron que la quinabactina activa PYR1, PYL1-3 y PYL5 con valores Cl<sub>50</sub> submicromolares y muestra una actividad sustancialmente mayor en los sitios de receptor dimérico (Figuras 2, 3 y 4). Los resultados también muestran que la quinabactina es un agonista de PYR1 o PYL1 más fuerte que ABA (Figuras 2 y 3). Además, la inhibición máxima de PP2C observada por la quinabactina fue mayor que la observada con la pirabactina con todos los receptores probados. Aunque la pirabactina puede activar PYL5 con una Cl<sub>50</sub> de 0,90 µM, se satura a ~ 40 % de inhibición de PP2C, lo que sugiere que es un agonista de PYL5 incompleto/parcial. Por lo tanto, este ejemplo demuestra la identificación de un nuevo agonista de sulfonamida con una actividad más amplia del espectro del receptor y una mayor bioactividad en relación con la pirabactina.

**Ejemplo 2**

Este ejemplo demuestra que los novedosos agonistas de ABA inhiben la germinación y el crecimiento de las plantas.

Análisis de la inhibición de la germinación y el crecimiento del hipocótilo de *Arabidopsis*

Para el análisis de inhibición de la germinación y el crecimiento del hipocótilo de *Arabidopsis*, las semillas que habían madurado después de aproximadamente 4 semanas se esterilizaron en la superficie con una solución que contenía NaClO al 5 % y Tween-20 al 0,05 % durante 10 minutos, y se enjuagaron con agua cuatro veces. Las semillas esterilizadas se suspendieron con agar al 0,1 % y se sembraron en medio de agar solidificado al 0,8 % que contenía 1/2 sales de Murashige y Skoog (MS) (Sigma-Aldrich) en presencia de sustancias químicas y se almacenaron a 4 °C durante 4 días, luego se transfirieron a 22 °C bajo la oscuridad o luz. La germinación se determinó después de una incubación de 4 días, mientras que el crecimiento del hipocótilo se fotografió después de una incubación de 6 días.

#### 5      Materiales de plantas

10      Se usaron las siguientes cepas de alelos/mutantes: *aba2-1* (Leon-Kloosterziel KM, *et al.* (1996) Isolation and characterization of abscisic acid-deficient *Arabidopsis* mutants at two new loci. *Plant J* 10 (4):655-661), *abi1-1* (Umezawa T, *et al.* (2009) ype 2C protein phosphatases directly regulate abscisic acid-activated protein kinases in *Arabidopsis*. *Actas de la National Academy of Sciences de los Estados Unidos de América* 106(41): 17588-17593), *abi3-9*, *abi4-11* (Nambara E, *et al.* (2002) A screen for genes that function in abscisic acid signaling in *Arabidopsis thaliana*. *Genetics* 161 (3):1247-1255 ), y los cuádruples *pyr1pyl1pyl2ply4* (Park SY, *et al.* (2009) Absciscic Acid Inhibits Type 2C Protein Phosphatases via the PYR/PYL Family of START Proteins. *Science* 324 (5930): 1068-1071); Todas estas cepas están en el fondo de Columbia. La tinción de los cuádruples mutantes *pyr1pyl1pyl2ply4* usada se retrocruzó a Columbia tres veces. Las semillas de cebada y soja se adquirieron en Living Whole Foods, Inc., mientras que las semillas de maíz se obtuvieron en W. Atlee Burpee & Co. Los métodos de detalle usados para los experimentos fisiológicos que usan estos materiales se proporcionan como información de ayuda.

25      Para explorar las consecuencias fisiológicas de las propiedades agonistas únicas de LC66C, los investigadores caracterizaron sus efectos sobre las semillas de *Arabidopsis*, las plántulas y las plantas adultas. Como se muestra en la Figura 5, los agonistas de ABA descritos en el presente documento inhiben fuertemente la germinación de las semillas en *Arabidopsis*. Las Figuras 5A y 5B muestran que varios agonistas, incluyendo LC66C6, inhiben la germinación de las semillas de una manera dependiente de la dosis. En particular, LC66C6 fue casi tan eficaz, en una base por mol, para inhibir la germinación como (+)-ABA, y fue más eficaz que los otros agonistas probados.

30      Las Figuras 5C y 5D muestran el efecto de los agonistas (+)-ABA y LC66C6 en la inhibición de la germinación de semillas de diversos mutantes insensibles a ABA. Como se muestra en la Figura 5C, a una concentración de 5 µM, LC66C6 mostró un patrón similar de inhibición de la germinación como (+)-ABA hizo para todos los mutantes probados excepto para el cuádruple mutante de PYR/PYL (*pyr1pyl1pyl2pyl4*) y un solo mutante *pyr1*. Combinado con los datos de  $Cl_{50}$  presentados anteriormente en la Figura 4, estos datos genéticos sugieren que la actividad inhibitoria de la germinación de LC66C6 se explica en gran medida por su capacidad para agonizar PYR1, PYL1 y PYL2. La capacidad de ABA para inhibir la germinación en el cuádruple mutante probablemente se explica por su actividad agonista en otros receptores. Los datos genéticos de los investigadores son coherentes con la hipótesis de que PYR1 juega un papel importante pero redundante en la germinación de semillas en respuesta a ABA, ya que el mutante *pyr1* germina en presencia de LC66C6 o pirabactina 5 µM (Park *et al.* 2009).

40      Como se muestra en la Figura 6, LC66C6 también inhibe el crecimiento de las plantas después de la germinación. Las Figuras 6A y 6B muestran que LC66C6 inhibe el alargamiento de la raíz en el tipo silvestre, *abi1* y el cuádruple mutante, y es comparable o ligeramente más eficaz que el (+)-ABA en sus efectos inhibidores en todas las concentraciones probadas. Además, la Figura 6C demuestra que LC66C6 inhibe el crecimiento de plantas tanto de tipo silvestre como mutantes de una manera dependiente de la concentración. La inhibición del crecimiento de las plantas por LC66C6 es significativamente mayor que la inhibición por la pirabactina, y comparable a la de (+)-ABA.

Este ejemplo demuestra que LC66C6 es un potente inhibidor de la germinación de semillas y el crecimiento de planta de tipo silvestre y mutantes insensibles a ABA.

#### 50      Ejemplo 3

Este ejemplo demuestra que el agonista LC66C6 induce la tolerancia al estrés por sequía.

#### 55      Ensayos fisiológicos

Los ensayos fisiológicos se realizaron en plantas de *Arabidopsis* cultivadas a  $22 \pm 2$  °C y humedad relativa (HR)  $45 \pm 10$  % en un ciclo de luz/oscuridad de 16/8 h. Para los análisis de pérdida de agua por transpiración en *Arabidopsis*, las plantas se trataron previamente con pulverización en aerosol de una solución de 4 ml que contenía un compuesto 25 µM y Tween-20 al 0,05 %. Se pulverizaron 12 plantas de 4 semanas de edad por compuesto o control analizado. Después del tratamiento previo con compuestos durante una noche, las porciones aéreas se desprendieron de las raíces y su peso fresco se midió a intervalos de 20 minutos durante un período de tiempo de 2 horas. Para medir la apertura del estoma, las plantas se trataron previamente con compuestos como se describió anteriormente, se cubrieron con tapas plásticas para mantener una HR alta y después del tratamiento previo durante una noche se obtuvieron impresiones epidérmicas de las hojas usando el método Suzuki de microimpresión universal (SUMP) mediante la solución de impresión SUMP con placas SUMP B (Laboratorio SUMP). Las impresiones de las hojas se analizaron mediante microscopía óptica y las aberturas del estoma se determinaron a partir de los anchos de los poros

usando el software ImageJ 1.43v (National Institutes of Health, EE. UU.). Para los ensayos de estrés por sequía de *Arabidopsis*, se aplicaron aproximadamente 1,5 ml de una solución química de 25  $\mu$ M mediante aerosol a las plantas a intervalos diarios durante un período de 3 días. Las plantas se cultivaron en recipientes cuadrados de 6 X 6 X 5 cm que contenían 100 g de suelo por recipiente. Los ensayos de estrés por sequía de soja se realizaron en plantas cultivadas a  $25 \pm 2$  °C,  $65 \pm 10$  % de HR en ciclos de luz/oscuridad de 16/8 h. Se pulverizaron aproximadamente 20 ml de una solución química 50  $\mu$ M que contenía Tween-20 al 0,05 % por recipiente (3 plantas por recipiente) cuatro veces cada 3 días. Los recipientes usados tenían un tamaño de 250 ml y contenían 200 g de suelo por recipiente. Los recipientes se cubrieron en Parafilm para que la pérdida de agua medida estuviera mediada por transpiración. El % de contenido de agua del suelo se determinó midiendo el peso del recipiente y se calculó eliminando el peso de suelo seco del peso total.

Análisis de pérdidas de agua en soja, cebada y maíz.

Para los análisis de pérdida de agua usando soja, cebada y maíz, se pulverizó una solución química 100  $\mu$ M que contenía Tween-20 al 0,05 % sobre las partes aéreas de las plantas. Las plantas de soja, cebada y maíz usadas tenían aproximadamente 4, 2 y 2 semanas de edad respectivamente. Los compuestos se aplicaron 16 horas antes de que se realizaran los ensayos de pérdida de agua. Para medir la pérdida de agua se desprendieron vástagos completos y se controló su peso fresco.

La Figura 7 muestra el efecto de LC66C6 en diversos parámetros en relación con el estrés por sequía. Como se muestra en las figuras 7A y 7B, LC66C6 redujo la cantidad de pérdida de agua por transpiración en hojas desprendidas de plantas de tipo silvestre y mutante *aba2* (mutante deficiente en ABA 2). Sin embargo, como se muestra en la Figura 7C, LC66C6 no redujo la pérdida de agua por transpiración en las hojas desprendidas del mutante *abi1-1*. La Figura 7D muestra que LC66C6 induce el cierre del estoma en el tipo silvestre y el mutante *aba2*, pero no en el mutante *abi1-1*. La Figura 7E muestra los efectos de los compuestos agonistas en el contenido de agua del suelo durante el tratamiento de sequía de las plantas de soja.

La Figura 8A muestra que el tratamiento de plantas con quinabactina confiere tolerancia al estrés por sequía en plantas de *Arabidopsis* similar a la conferida por el tratamiento con (+)-ABA. En este ejemplo, las plantas de dos semanas de edad se sometieron a estrés por sequía mediante la retención de agua y se fotografiaron después de 12 días. Las plantas se rehidrataron después de 2 semanas de tratamiento de sequía. El número de plantas supervivientes por número total de plantas probadas se muestra adyacente a las fotografías. La Figura 8B muestra que el tratamiento de las plantas de soja con quinabactina confiere una tolerancia al estrés por sequía similar a la conferida por el tratamiento con (+)-ABA. En este ejemplo, las plantas de dos semanas de edad se sometieron a estrés por sequía mediante la retención de agua y se fotografiaron después de 8 días de tratamiento de sequía. Para todos los tratamientos de estrés por sequía, los compuestos (probados a 25  $\mu$ M para *Arabidopsis* y 50  $\mu$ M para soja) se aplicaron en soluciones que contenían Tween-20 al 0,05 % y se aplicaron como aerosoles cada 3 días durante el régimen de sequía. Los valores para todos los experimentos son medias  $\pm$  ETM (n = 6, 3 plantas usadas por experimento).

Este ejemplo muestra que LC66C6 induce tolerancia al estrés por sequía en plantas de *Arabidopsis* de tipo silvestre y mutantes *aba2* y en plantas de soja de tipo silvestre similares a las conferidas por (+)-ABA.

#### Ejemplo 4

Este ejemplo demuestra que el LC66C6 induce genes sensibles a ABA de una manera similar a los inducidos por (+)-ABA.

## Análisis de micromatrices

El ARN total se aisló usando el mini kit RNAeasy Plant (Qiagen, EE. UU.) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La síntesis de ADNc, el etiquetado y la hibridación con los chips ATH1 de *Arabidopsis* (Affymetrix, EE. UU.) se realizaron en la instalación de instrumentación principal IIGB de la universidad de California en Riverside usando los protocolos de Affymetrix. Las muestras de triplicado biológico se hibridaron para los controles de DMSO, ABA, pirabactina y tratamientos de quinabactina; el compuesto se aplicó a una concentración final de 25  $\mu$ M y el ARN se preparó a partir de tejido congelado después de 6 horas de exposición a los compuestos o controles. Las señales de expresión para los conjuntos de sondas se calcularon y normalizaron mediante el algoritmo estadístico MAS5 (Affymetrix, EE. UU.). El filtrado experimental de los datos de la matriz se realizó para detectar la presencia de señales en todos los experimentos. Los niveles medios de transcritos en cada tratamiento químico se compararon con los de los experimentos de control y se usaron para calcular los valores de cambio. Se usaron valores de cambio transformados por Log<sub>2</sub> para calcular los coeficientes de correlación de Pearson entre las condiciones experimentales.

## 15 Análisis cuantitativo de TR-RCP

El ARN total se aisló usando reactivo de purificación de ARN de planta (Invitrogen, EE. UU.) de acuerdo con las instrucciones del fabricante. El ADNc se sintetizó a partir de 1  $\mu$ g de ARN total usando el kit de transcripción inversa QuantiTect (Qiagen, EE. UU.). La RCP en tiempo real con Maxima® SYBR Green/Fluorescein qPCR Master Mix (Fermentas) se realizó con el sistema de detección de RCP en tiempo real iQ5 (Bio-Rad, Hercules, CA). Las cantidades relativas de ARNm diana se determinaron usando el método de curva convencional relativa y se normalizaron mediante la cantidad relativa de ARNm de control interno. Se realizaron experimentos por triplicado biológicos. Las secuencias de cebadores usadas en estos experimentos se muestran en la **Tabla 1**.

Tabla 1. Conjuntos de cebadores para TR-RCP cuantitativa

<i>Arabidopsis</i>			Cebador directo	Cebador inverso
Código de un gen AGI	Abreviatura			
AT1G05100	MAPKKK 18		AAGCGGCGCGTGGAGAGAGA	GCTGTCCATCTCTCCGTCGC
AT5G52310	RD29A		TGAAGTGCATGCACCCAGG	GACACGACAGGAACACCTTTG
A T5G52300	RD29B		<b>TATGAATCCTCTGCCCGTGAGAGGT</b> <b>G</b>	ACACCACTGAGATAATCCGATCCT
AT4G34000	ABF3F		GTTGATGGTGTGAGTGAGCAGC	AACCCATTACTAGCTGTCCCAAG
AT2G46270	GBF3		GACGCTTTTGAGCATCGACACT	ACTGTTTCCTTCGCTCCCGTTTC
Control interno	ACT2		CTCATGAAGATCCTTACAG	CTTTCAGGTGGTGCAACGAC
Soja	Abreviatura		Cebador directo	Cebador inverso
	GmNAC4		ACGTCA GTTCCGCAAAAGAT	GGACCCGTTGGTTTCTCAC
	GmbZIP1		GGGAATGGGAATTTGGGTGAGAA	CCTTCTGCCAGGGCTAGCATG
Control interno	Gm18S		CCTGCGGCTTAATTTGACTCAAC	TAAGAACGGGCCATGCACCA
Cebada	Abreviatura		Cebador directo	Cebador inverso
	HVA1		AACACGCTGGGCATGGGAG	CGAACGACCAAAACACGACTAAA
	HvDRF1		CGGGCGGCGCGATTGCGAGC	ACGGAATTAGGGCCCATCAG
Control interno	Hvtubulin2		TCCATGATGGCCAAGTGTGA	GACATCCCCACGGTACATGAG
Maiz	Abreviatura		Cebador directo	Cebador inverso
	ZmIEA		GCAGCAGGCAGGGGAGAA	GCCGAGCGAGTTTCATCATC
	ZmRAB17		ATGAGTACGGTCAGCAGGGGCAG	CTCCCTCGCAGGCTGGAAC TG



Arabidopsis				
Código de un gen AGI	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso	
Control interno	ZmUbi	TGCCGATGTGCCCTGCCGTCGTCCTGG TGC	TGAAAGACAGAACATAATGAGCACAG	

## Ensayos del gen indicador sensible a ABA

En la experiencia de los investigadores, las fusiones promotoras-GUS sensibles a ABA existentes no son ideales debido a los altos niveles de fondo o los niveles de inducción relativamente bajos en respuesta a ABA. MAPKKK18 es a highly-ABA inducible gene with low background levels (Matsui A, *et al.*, Plant Cell Physiol 49 (8):1135-1149 (2008)); MAPKKK18 también está fuertemente inducido por la sequía y el estrés salino. Por lo tanto, los investigadores caracterizaron los efectos de los agonistas en el promotor MAPKKK18::indicador GUS de plantas transgénicas. La tinción con GUS se realizó en un tampón de reacción de la siguiente composición: tampón de fosfato de sodio 50 mM, pH 7,0, Tween-20 al 0,05 %, ferrocianuro de potasio 2,5 mM, ferricianuro de potasio 2,5 mM, X-gluc 1 mM. El tampón de reacción se infiltró al vacío en muestras de prueba durante 10 minutos dos veces y luego se incubó a 37 °C durante 5 horas. La reacción se detuvo lavando las muestras con etanol al 70 % y los pigmentos de clorofila se blanquearon mediante incubación a 65 °C.

La Figura 9 muestra los cambios en la expresión génica inducidos en respuesta a la pirabactina, LC66C6 y (+)-ABA. Como se muestra en la figura 9A, LC66C6 indujo la expresión de ARNm RD29B y MAPKKK18 de una manera dependiente de la dosis en plantas de tipo silvestre, mientras que los niveles de inducción disminuyeron tanto en *abi1-1* como en las plantas cuádruples mutantes de PYR/PYL. La inducción de la expresión génica por LC66C6 es similar a la observada con (+)-ABA. A diferencia de (+)-ABA y LC66C6, la pirabactina no indujo la expresión génica en plantas de tipo silvestre, aunque sí induce una expresión modesta relacionada con ABA en las semillas cuando se utilizan concentraciones más altas en el tratamiento (Park *et al.*, 2009).

La Figura 9B muestra la comparación en todo el genoma de los efectos de ABA y LC66C6 o pirabactina, en comparación con los tratamientos de control, en las plántulas de tipo silvestre, medidas por hibridación de los ARN marcados con micromatrices ATH1. Como se muestra en la Figura 9B, LC66C6 induce un conjunto similar de genes a los inducidos por ABA en un experimento de micromatrices. Por el contrario, la pirabactina no indujo un patrón de expresión similar al de ABA.

Las Figuras 9C y 9D muestran que LC66C6 induce la expresión de genes indicadores en los mismos tejidos que (+)-ABA. La expresión de los genes indicadores se observó en las células protectoras y en los tejidos vasculares de las hojas y las raíces, y en las puntas de las radículas de las semillas embebidas.

La Figura 10 muestra la expresión del gen sensible a ABA en mutantes individuales de PYR/PYL. Como se muestra en la Figura 10, los ARNm de MAPKKK18, RD29A y RD29B sensibles a ABA fueron inducidos por LC66C6 y (+)-ABA en los ecotipos de Col y Ler y los genotipos mutantes individuales *pyr1*, *pyl1*, *pyl2*, *pyl3* y *pyl4*. Por el contrario, la pirabactina no indujo significativamente la expresión de ninguno de los genes determinados en ninguno de los mutantes individuales o ecotipos de tipo silvestre.

La Figura 11 muestra la expresión del gen sensible a ABA en plantas de tipo silvestre, *abi1-1* y cuádruples mutantes de PYR/PYL. Como se muestra en la Figura 11, tanto LC66C6 como (+)-ABA indujeron la expresión de ABF3, GBF3, NCED3, y RD29A en una manera dependiente de la dosis en las plantas de tipo silvestre Col, mientras que los niveles de inducción disminuyeron tanto en *abi1-1* como en las plantas cuádruples mutantes de PYR/PYL. De acuerdo con los resultados anteriores, la pirabactina no indujo la expresión significativa de ningún gen analizado en las plantas de tipo silvestre.

**Ejemplo 5**

Este ejemplo demuestra que las enzimas clave para el catabolismo ABA no afectan las respuestas inducidas por LC66C6.

Como se muestra en la Figura 12, la inhibición del crecimiento y la germinación de las plantas por ABA se mejora en las plantas que son doble mutante para *cyp707a*, una enzima clave para el catabolismo de ABA, pero se reduce en las plantas que sobreexpresan CYP707A (CYP707AOX; véase las Figuras 12A-D). Por el contrario, los efectos sobre el crecimiento y la germinación de las plantas por LC66C6 no son significativamente diferentes en plantas que son doble mutante para *cyp707a*, plantas de tipo silvestre o en plantas que sobreexpresan CYP707AOX (véase las Figuras 12A-D).

Este ejemplo muestra que las enzimas involucradas en la descomposición de ABA no influyen en los fenotipos regulados por LC66C6.

**Ejemplo 6**

Este ejemplo muestra que el LC66C6 es bioactivo en diversas especies de plantas, incluyendo monocotiledóneas y dicotiledóneas.

La Figura 13A muestra que LC66C6 inhibe la germinación de brócoli, rábano, alfalfa, soja, cebada, trigo, sorgo y semillas de maíz. El nivel de inhibición de la germinación por LC66C6 es mayor que la pirabactina. Como se muestra

en la Figura 13B, LC66C6 reduce la pérdida de agua por transpiración durante un período de 2 horas en las hojas desprendidas de las especies anteriores. Además, LC66C6 induce fuertemente la expresión de los genes GmNAC4 y GmbZIP1 sensibles a ABA en las semillas de soja (Figura 13C), induce moderadamente la expresión de los genes HVA1 y HvDRF1 sensibles a ABA en la cebada (Figura 13D), e induce débilmente la expresión de los genes sensibles a ABA ZmRab17 y ZmLEA en el maíz (Figura 13E).

Este ejemplo demuestra que LC66C6 inhibe la germinación y reduce la pérdida de agua por transpiración en un grupo diverso de especies de importancia agrícola, lo que indica que LC66C6 es útil para reducir el estrés por sequía en múltiples especies.

#### Ejemplo 7

Este ejemplo muestra las estructuras químicas de ABA y los agonistas descritos en el presente documento y el efecto de los agonistas *in vitro* e *in vivo*.

La Figuras 14 y 18 muestran las estructuras químicas de ABA y los agonistas probados. La Figura 15A muestra los resultados de los ensayos de dos híbridos de levadura usando los receptores PYR/PYL PYR1, PYL1, PYL2, PYL3 y PYL4 para probar la respuesta a cada uno de los agonistas que se muestran en la Figura 14. La Figura 15B muestra los resultados de las pruebas de los agonistas en la Figura 14 en la germinación de semillas de tipo silvestre, y demuestra que LC66C6 es uno de los agonistas más eficaces, después de (+)-ABA, en la inhibición de la germinación de semillas de tipo silvestre. La Figura 15C muestra los efectos de los compuestos en una línea indicadora de ABA medida mediante el uso de ensayos de glucuronidasa en una línea transgénica que expresa glucuronidasa bajo el control del gen de *Arabidopsis* inducible por ABA MAPKKK18.

Este ejemplo demuestra que el LC66C6 es uno de los agonistas más eficaces probados tanto *in vitro* como *in vivo*.

#### Ejemplo 8

Este ejemplo muestra que LC66C6 puede aumentar el tamaño de las plantas mutantes deficientes en ABA.

En este ejemplo, se pulverizaron plantas de tipo silvestre y mutantes *aba2* de 14 días con una solución que contenía 25  $\mu$ M de agonista dos veces al día durante dos semanas. Se obtuvieron imágenes y peso fresco de plantas de 4 semanas de edad. Como se muestra en la Figura 16, la aplicación de LC66C6 a plantas mutantes *aba2* aumentó significativamente el tamaño de las plantas mutantes en comparación con las plantas de control tratadas solo con el DMSO portador.

Este ejemplo demuestra que LC66C6 puede complementar el fenotipo de crecimiento observado en la mutación *aba2* de una manera similar a la de (+)-ABA.

#### Ejemplo 9

Este ejemplo muestra que LC66C6 puede inhibir débilmente el crecimiento del protonema en el musgo, pero no tiene efecto en el crecimiento de las algas verdes unicelulares *Chlamydomonas*.

Como se muestra en las figuras 17A y 17B, LC66C6 mostró una inhibición débil pero significativa en el crecimiento del protonema del musgo *Physcomitrella patens*. La pirabactina blanqueó el protonema, lo que sugiere que podría ser tóxico para esta especie.

La Figura 17C muestra que LC66C6 puede inducir la expresión de genes sensibles a ABA en el musgo. Sin embargo, estos niveles de inducción fueron más débiles que los de ABA.

Como se muestra en la Figura 17D, ambos (+)-ABA y LC66C6 no tuvieron efecto en el crecimiento de *Chlamydomonas* con y sin salinidad y estrés osmótico. Una vez más, la pirabactina blanquea las *Chlamydomonas*, lo que sugiere que también es tóxico para esta especie.

Este ejemplo muestra que LC66C6 puede inhibir débilmente el crecimiento del protonema e inducir débilmente la expresión del gen sensible a ABA en el musgo *Physcomitrella patens*, pero no afecta el crecimiento de las algas unicelulares *Chlamydomonas*.

#### LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Cutler, Sean R. Okamoto, Masanori

<120> Compuestos sintéticos para respuestas de ABA vegetativas

<130> 81906-869411

<140> Documento WO aún no asignado  
<141> Aún no asignado

<150> Documento US 61/618.386  
<151> 30-03-2012

<160> 149

<170> FastSEQ para Windows versión 4.0

<210> 1  
<211> 191  
<212> PRT  
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, resistencia a la pirabactina 1, receptor del ácido abscísico PYR1 (PYR1), proteína de unión ABII 6 (ABIP6), componentes reguladores del receptor de ABA 11 (RCAR11), At4g17870, T6K21.50

<400> 1

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

<210> 2  
<211> 221  
<212> PRT  
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL1, proteína 1 similar a PYR1 (PYL1), proteína de unión ABII 6 (ABIP6), componentes reguladores del receptor de ABA 9 (RCAR12), At5g46790, MZA15.21

<400> 2

```

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

```

<210> 3

<211> 190

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

10 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL2, proteína 2 similar a PYR1 (PYL2), proteína de unión ABII 6 (ABIP6), componentes reguladores del receptor de ABA 14 (RCAR14), proteína de la familia del alérgeno Bet v I, At2g26040, T19L18.15

<400> 3

```

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

```

15

115					120					125					
Ser	Val	Asn	Glu	Phe	Leu	Asn	Gln	Asp	Ser	Gly	Lys	Val	Tyr	Thr	Val
130					135					140					
Val	Leu	Glu	Ser	Tyr	Thr	Val	Asp	Ile	Pro	Glu	Gly	Asn	Thr	Glu	Glu
145					150					155					
Asp	Thr	Lys	Met	Phe	Val	Asp	Thr	Val	Val	Lys	Leu	Asn	Leu	Gln	Lys
165					170					175					
Leu	Gly	Val	Ala	Ala	Thr	Ser	Ala	Pro	Met	His	Asp	Asp	Glu		
180					185					190					

<210> 4  
<211> 209  
<212> PRT  
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL3, proteína 3 similar a PYR1 (PYL3), componentes reguladores del receptor de ABA 13 (RCAR13). At1g73000. F3N23.20

<400> 4

[illegible]

<210> 5  
<211> 207  
<212> PRT  
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL4, proteína 4 similar a PYR1 (PYL4), proteína de unión ABI1 2 (ABIP2), componentes reguladores del receptor de ABA 10 (RCAR10), At2g38310, T19C21.20

<400> 5

```

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

```

&lt;210&gt; 6

&lt;211&gt; 203

5 &lt;212&gt; PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

&lt;220&gt;

10 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL5, proteína 5 similar a PYR1 (PYL5), proteína de unión ABII 3 (ABIP3), componentes reguladores del receptor de ABA 8 (RCAR8), proteína de la familia del alérgeno Bet v I, At5g05440, K18I23.25

&lt;400&gt; 6

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

<210> 7  
 <211> 215  
 <212> PRT  
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL6, proteína 6 similar a PYR1 (PYL6), proteína de unión ABI5 (ABIP5), componentes reguladores del receptor de ABA 9 (RCAR9), proteína de la familia del alérgeno Bet v I, At2g40330, T7M7.15

<400> 7



```

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

```

<210> 8

<211> 211

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

10 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL7, proteína 7 similar a PYR1 (PYL7), proteína de unión ABII 7 (ABIP7), componentes reguladores del receptor de ABA 2 (RCAR2), At4g01026

<400> 8

```

Met Glu Met Ile Gly Gly Asp Asp Thr Asp Thr Glu Met Tyr Gly Ala
1      5      10      15
Leu Val Thr Ala Gln Ser Leu Arg Leu Arg His Leu His His Cys Arg
20      25      30
Glu Asn Gln Cys Thr Ser Val Leu Val Lys Tyr Ile Gln Ala Pro Val

```

15

[illegible]

<210> 9  
<211> 188  
<212> PRT  
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>  
<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL8, proteína 8 similar a PYR1 (PYL8), proteína de unión ABI1 1 (ABIP1), componentes reguladores del receptor de ABA 3 (RCAR3), At5g53160, MFH8.10

<400> 9

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

```
<210> 10
<211> 187
<212> PRT
```

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

5 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL9, proteína 9 similar a PYR1 (PYL9), proteína de unión ABII 4 (ABIP4), componentes reguladores del receptor de ABA 1 (RCAR1), At1g01360, F6F3.16

<400> 10

```

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

```

10

<210> 11

<211> 183

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

15

<220>

<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL10, proteína 10 similar a PYR1 (PYL10), proteína de unión ABII 8 (ABIP8), componentes reguladores del receptor de ABA 4 (RCAR4), At4g27920, T13J8.30

20

<400> 11

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

100 105 110  
 Leu Lys Asn Tyr Ser Ser Thr Ile Ser Leu His Ser Glu Thr Ile Asp  
 115 120 125  
 Gly Lys Thr Gly Thr Leu Ala Ile Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro  
 130 135 140  
 Glu Gly Asn Thr Lys Glu Glu Thr Cys Phe Phe Val Glu Ala Leu Ile  
 145 150 155 160  
 Gln Cys Asn Leu Asn Ser Leu Ala Asp Val Thr Glu Arg Leu Gln Ala  
 165 170 175  
 Glu Ser Met Glu Lys Lys Ile  
 180

<210> 12

<211> 161

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL11, proteína 11 similar a PYR1 (PYL11), componentes reguladores del receptor de ABA 5 (RCAR5), proteína de la familia del alérgeno Bet v I, At5g45860, K15I22.6

<400> 12

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

<210> 13

<211> 159

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

5 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL12, proteína 12 similar a PYR1 (PYL12), componentes reguladores del receptor de ABA 6 (RCAR6), proteína de la familia del alérgeno Bet v I, At5g45870, K15I22.7

<400> 13

10

```

Met Lys Thr Ser Gln Glu Gln His Val Cys Gly Ser Thr Val Val Gln
 1      5      10      15
Thr Ile Asn Ala Pro Leu Pro Leu Val Trp Ser Ile Leu Arg Arg Phe

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

```

<210> 14

<211> 164

15

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

20 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL13, proteína 13 similar a PYR1 (PYL13), componentes reguladores del receptor de ABA 7 (RCAR7), At4g18620, F28A21.30

<400> 14

```

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

```

<210> 15  
 <211> 191  
 <212> PRT  
 <213> *Brassica oleracea*

<220>  
 <223> proteína de la familia Streptomyces ciclasa/deshidrasa de la col silvestre, etiqueta de locus 40.t00062, N.º  
 de acceso a GenBank ABD65175.1

<400> 15

```

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

```

<210> 16  
 <211> 281  
 <212> PRT  
 <213> *Brassica oleracea*

<220>

<223> proteína de la familia Streptomyces ciclasa/deshidrasa de la col silvestre, etiqueta de locus 23.t00047, N.º de acceso a GenBank ABD65631.1

5 <400> 16

```

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

      210          215          220
Thr Pro Glu Pro Arg Thr Ser Thr Val Phe Ile Glu Leu Glu Asp His
 225          230          235          240
Arg Thr Leu Pro Gly Asn Leu Thr Pro Thr Thr Glu Glu His Leu Gln
      245          250          255
Arg Met Tyr Gln Arg Phe Trp Gly Ile Arg Gln Leu Gln Arg Pro Arg
      260          265          270
Gln Ser Phe Gly Glu Arg Gln Ser Ile
      275          280

```

<210> 17

<211> 453

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

10

<220>

<223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00015766001, N.º de acceso a GenBank CA063410.1

15

<400> 17

[illegible]



<211> 195  
<212> PRT  
<213> *Vitis vinifera*

5 <220>  
<223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus VITISV\_033963, N.º de acceso a GenBank CAN64657.1

<220>

10 <221 > VARIANTE <222> (193)...(193)  
<223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 18

15

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

<210> 19  
<211> 217  
<212> PRT  
<213> *Medicago truncatula*

<220>

20 <223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFD\_FF\_FF1G-N-24, N.º de acceso a GenBank ACJ85026.1

<400> 19

```

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

```

<210> 20

<211> 212

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética conservada Os10g0573400, N.º de acceso a GenBank NP\_00106570.1

<400> 20

```

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

```

```

          100          105          110
Arg Leu Asp Leu Leu Asp Asp Ala His Arg Val Phe Gly Phe Thr Ile
          115          120          125
Thr Gly Gly Glu His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val Thr Thr Val
          130          135          140
Ser Gln Leu Asp Glu Ile Cys Thr Leu Val Leu Glu Ser Tyr Ile Val
          145          150          155          160
Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Glu Asp Asp Thr Arg Leu Phe Ala Asp
          165          170          175
Thr Val Ile Arg Leu Asn Leu Gln Lys Leu Lys Ser Val Ser Glu Ala
          180          185          190
Asn Ala Asn Ala Ala Ala Ala Ala Ala Pro Pro Pro Pro Pro Pro
          195          200          205
Ala Ala Ala Glu
          210

```

<210> 21

<211> 212

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

<223> proteína de la familia de la ciclasa/deshidrasa del maíz, clon 306819, N.º de acceso a GenBank ACG40002.1

<400> 21

```

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

```

<210> 22

<211> 212

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

<223> proteína de la familia de la ciclasa/deshidrasa del maíz, clon 241996, N.º de acceso a GenBank ACG34473.1

<220>

<221> VARIANTE

5 <222> (11)...(11)

<223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 22

```

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

```

10

<210> 23

<211> 233

<212> PRT

15 <213> *Vitis vinifera*

<220>

<223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00032173001, N.º de acceso a GenBank CAO43790.1

20

<400> 23

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

<210> 24  
 <211> 207  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína de tipo alérgeno Bet v I, clon P0495C02.29, N.º de acceso a GenBank BAD25659.1

<400> 24

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

<210> 25

<211> 210

5 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética Osl\_06433, N.º de acceso a GenBank EAY85077.1

<400> 25

```

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

```

<210> 26

<211> 200

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

<223> proteína desconocida B73 de la cepa del maíz, clon ZM\_BFb0151H07, N.º de acceso a GenBank ACF82013.1

<400> 26

```

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

```

145					150					155				160
Val	Glu	Ser	Tyr	Val	Val	Asp	Val	Pro	His	Gly	Asn	Thr	Ala	Asp
				165					170					175
Thr	Arg	Val	Phe	Val	Asp	Thr	Ile	Val	Arg	Cys	Asn	Leu	Gln	Ser
			180					185					190	Leu
Ala	Arg	Thr	Ala	Glu	Arg	Leu	Ala							
		195					200							

<210> 27  
 <211> 215  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

<220>  
 <223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00037390001, N.º de acceso a GenBank CAO48777.1

<400> 27

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

<210> 28  
 <211> 213  
 <212> PRT  
 <213> *Nicotiana tabacum*

<220>  
 <223> proteína hipotética del tabaco, gen c17, N.º de acceso a GenBank CAI84653.1

<400> 28



# ES 2 709 025 T3

```

Met Pro Pro Ser Ser Pro Asp Ser Ser Val Leu Leu Gln Arg Ile Ser
1      5      10      15
Ser Asn Thr Thr Pro Asp Phe Ala Cys Lys Gln Ser Gln Gln Leu Gln
20      25      30

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

```

<210> 29  
 <211> 208  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética Osl\_04285, N.º de acceso a GenBank EAY76350.1

<400> 29

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

<210> 30

<211> 208

5 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína de tipo alérgeno Bet v I, gen B1088C09.11, clon B1088C09, N.º de acceso a GenBank BAB68102.1

<400> 30

```

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

```

<210> 31

<211> 213

5 <212> PRT

<213> *Picea sitchensis*

<220>

10 <223> Variedad cultivada de abeto Sitka FB3-425, proteína desconocida, clon WS0276\_P02, N.º de acceso a GenBank ABK22940.1

<400> 31

```

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

```

15

[illegible]

<210> 32  
<211> 207  
<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

<220>  
<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os06g0562200, proteína de la familia del alérgeno Bet v I, N.º de acceso a GenBank NP\_001057874.1

<400> 32

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

<210> 33  
<211> 216  
<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

<220>  
<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os05g0473000, proteína de la familia Streptomyces ciclasa/deshidrasa, N.º de acceso a GenBank NP\_001055819.1

<400> 33

```

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

```

5

<210> 34  
 <211> 212  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

10

<220>  
 <223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00029365001, N.º de acceso a GenBank CAO41436.1

15

<400> 34

# ES 2 709 025 T3

```

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

145     150     155     160
Thr Gly Thr Val Val Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Ile Pro Pro Gly
165     170     175
Asn Thr Lys Glu Asp Thr Cys Val Phe Val Asp Thr Ile Val Lys Cys
180     185     190
Asn Leu Gln Ser Leu Ala Gln Met Ser Glu Lys Leu Thr Asn Asn Asn
195     200     205
Arg Asn Ser Ser
210

```

<210> 35  
 <211> 218  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína de la familia de la ciclasa/deshidrasa del maíz, clon 1678999, N.º de acceso a GenBank ACG30334.1

<400> 35

```

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

```

<210> 36

<211> 179

5 <212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

10 <223> *Physcomitrella patens* subespecie *patens moss*, ecotipo Gransden 2004, proteína hipotética, proteína prevista, etiqueta de locus PHYPADRAFT\_222359, N.º de acceso a GenBank XP\_001778048.1

<400> 36

Met Gln Thr Lys Gly Arg Gln Ala Asp Phe Gln Thr Leu Leu Glu Gly

15

# ES 2 709 025 T3

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

<210> 37  
 <211> 229  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética Osl-11160, N.º de acceso a GenBank EAY89631.1

<400> 37



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

225

<210> 38  
 <211> 229  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os03g0297600, proteína de la familia Streptomyces ciclasa/deshidrasa, N.º de acceso a GenBank NP\_001049838.1

<400> 38

```

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

```

<210> 39

<211> 205

5 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<220>

10 <223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFP\_FQ\_FR\_FS1G-H-19, N.º de acceso a GenBank ACJ85898.1

<400> 39

```

Met Pro Ser Pro Val Gln Phe Gln Arg Phe Asp Ser Asn Thr Ala Ile
 1      5      10      15
Thr Asn Gly Val Asn Cys Pro Lys Gln Ile Gln Ala Cys Arg Tyr Ala
      20      25      30
Leu Ser Ser Leu Lys Pro Thr Val Ser Val Pro Glu Thr Val Val Asp
      35      40      45
His His Met His Val Val Gly Gln Asn Gln Cys Tyr Ser Val Val Ile

```

15

50		55		60
Gln Thr Ile Asn Ala Ser Val Ser Thr Val Trp Ser Val Val Arg Arg				
65		70		75
Phe Asp Tyr Pro Gln Gly Tyr Lys His Phe Val Lys Ser Cys Asn Val				
	85		90	95
Val Ala Ser Gly Asp Gly Ile Arg Val Gly Ala Leu Arg Glu Val Arg				
	100		105	110
Leu Val Ser Gly Leu Pro Ala Val Ser Ser Thr Glu Arg Leu Asp Ile				
	115		120	125
Leu Asp Glu Glu Arg His Val Ile Ser Phe Ser Val Val Gly Gly Val				
	130		135	140
His Arg Cys Arg Asn Tyr Arg Ser Val Thr Thr Leu His Gly Asp Gly				
	145		150	155
Asn Gly Gly Thr Val Val Ile Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Gln				
	165		170	175
Gly Asn Thr Lys Glu Glu Thr Cys Ser Phe Ala Asp Thr Ile Val Arg				
	180		185	190
Cys Asn Leu Gln Ser Leu Val Gln Ile Ala Glu Lys Leu				
	195		200	205

<210> 40  
 <211> 212  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> factor 3 de unión al elemento rico en AT del maíz, clon 1458362, N.º de acceso a GenBank ACG26321.1

<400> 40

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

<210> 41  
 <211> 233  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>

<223> proteína desconocida B73 de la cepa del maíz, clon ZM\_BFb0105O18, N.º de acceso a GenBank ACF87013.1

5 <400> 41

```

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

```

<210> 42

10 <211> 194

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

15 <223> *Physcomitrella patens* subespecie *patens moss*, ecotipo Gransden 2004, proteína hipotética, proteína prevista, etiqueta de locus PHYPADRAFT\_209242, N.º de acceso a GenBank XP\_001762113.1

<400> 42

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

Ile	Glu	Arg	Leu	Glu	Ile	Leu	Asp	Asp	Glu	Glu	His	Ile	Ile	Ser	Phe
			100					105					110		
Arg	Val	Leu	Gly	Gly	Gly	His	Arg	Leu	Gln	Asn	Tyr	Trp	Ser	Val	Thr
		115					120					125			
Ser	Leu	His	Arg	His	Glu	Ile	Gln	Gly	Gln	Met	Gly	Thr	Leu	Val	Leu
	130					135					140				
Glu	Ser	Tyr	Val	Val	Asp	Ile	Pro	Asp	Gly	Asn	Thr	Arg	Glu	Glu	Thr
145					150					155					160
His	Thr	Phe	Val	Asp	Thr	Val	Val	Arg	Cys	Asn	Leu	Lys	Ala	Leu	Ala
				165					170					175	
Gln	Val	Ser	Glu	Gln	Lys	His	Leu	Leu	Asn	Ser	Asn	Glu	Lys	Pro	Ala
			180					185					190		

Ala Pro

<210> 43

<211> 191

<212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

<223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00035869001, N.º de acceso a GenBank CAO48052.1

<400> 43

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

<210> 44  
 <211> 217  
 <212> PRT  
 <213> *Physcomitrella patens*

<220>  
 <223> *Physcomitrella patens* subespecie *patens moss*, ecotipo Gransden 2004, proteína hipotética, proteína prevista, etiqueta de locus PHYPADRAFT\_132509, N.º de acceso a GenBank XP\_001767821.1

<400> 44

Met Gln Gln Val Lys Gly Arg Gln Asp Phe Gln Arg Leu Leu Glu Ala

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

<210> 45  
 <211> 195  
 <212> PRT  
 <213> *Physcomitrella patens*

<220>  
 <223> *Physcomitrella patens* subespecie *patens moss*, ecotipo Gransden 2004, proteína hipotética, proteína prevista, etiqueta de locus PHYPADRAFT\_213389, N.º de acceso a GenBank XP\_001767012.1

<400> 45

[illegible]

<210> 46  
<211> 172  
<212> PRT  
<213> *Vitis vinifera*

$\langle 220 \rangle$

<223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus VTTISV\_004947, N.º de acceso a GenBank CAN72620.1

<400> 46

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

<210> 47  
 <211> 196  
 <212> PRT  
 <213> *Picea sitchensis*

5 <220>  
 <223> Variedad cultivada de abeto Sitka FB3-425, proteína desconocida, clon WS0281\_I24, N.º de acceso a GenBank ABK23752.1

10 <400> 47

```

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

      100      105      110
Ser Ile Lys Ile Leu Gly Gly Asp His Arg Leu Gln Asn Tyr Ser Ser
      115      120      125
Ile Ile Thr Val His Pro Glu Ile Ile Asp Gly Arg Pro Gly Thr Leu
      130      135      140
Val Ile Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Arg Glu
      145      150      155      160
Glu Thr Arg Phe Phe Val Glu Ala Leu Val Lys Cys Asn Leu Lys Ser
      165      170      175
Leu Ala Asp Val Ser Glu Arg Leu Ala Ser Gln His His Thr Glu Leu
      180      185      190
Leu Glu Arg Thr
      195
    
```

15 <210> 48  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Solanum tuberosum*

20 <220>  
 <223> variedad cultivada de patata Kuras, proteína similar a CAPIP1, clon 153D02, similar a *Capsicum annuum* CAPIP1, N.º de acceso a GenBank ABB29920.1

25 <400> 48



```

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

```

<210> 49

<211> 190

5 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<220>

10 <223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFP\_FQ\_FR\_FS1G-E-17, N.º de acceso a GenBank ACJ85952.1

<400> 49

```

Met Asn Asn Gly Cys Glu Gln Gln Gln Tyr Ser Val Ile Glu Thr Gln

```

```

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

```

<210> 50  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

5 <220>  
 <223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00002440001, N.º de acceso a GenBank CA065816.1

10 <400> 50

```

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

<210> 51  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

15 <220>  
 <223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00006507001, N.º de acceso a GenBank CAO69376.1

<400> 51

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

<210> 52

<211> 208

5 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética OsJ\_21703, N.º de acceso a GenBank EAZ37364.1

<400> 52

```

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

145           150           155           160
Val Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Ala Glu
165           170           175
Asp Thr Arg Met Phe Thr Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Met
180           185           190
Leu Ala Ala Val Ala Glu Asp Ser Ser Ser Ala Ser Arg Arg Arg Asp
195           200           205

```

&lt;210&gt; 53

&lt;211&gt; 186

&lt;212&gt; PRT

<213> *Capsicum annuum*

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; variedad cultivada de pimienta hanbyul, proteína CAPIP1, N.º de acceso a GenBank AAT35532.1

&lt;400&gt; 53

```

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

```

<210> 54  
 <211> 186  
 <212> PRT  
 <213> *Populus trichocarpa*

5 <220>  
 <223> Variedad cultivada de álamo de California (álamo bálsamo occidental, álamo negro) 383-2499 (Nisqually-1), proteína desconocida, clon PX0011\_1113, N.º de acceso a GenBank ABK92491.1

10 <400> 54

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

15 <210> 55  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Capsicum annuum*

20 <220>  
 <223> variedad cultivada de pimienta hanbyul, proteína PIP1, N.º de acceso a GenBank ABF72432.1

25 <400> 55

```

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

```

<210> 56

<211> 186

5 <212> PRT

<213> *Populus trichocarpa* x *Populus deltoides*

<220>

10 <223> Álamo de California (álamo bálsamo occidental, álamo negro) x álamo oriental, variedad cultivada H11-11, proteína desconocida, clon WS0133\_I04, N.º de acceso a GenBank ABK96505.1

<400> 56

```

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

```

15

<210> 57

<211> 188

<212> PRT

<213> *Pisum sativum*

<220>

5 <223> factor 3 de unión al elemento rico en AT de guisantes (PsATF, ATF3), factor de transcripción potencial, N.º de acceso a GenBank AAV85853.1

<400> 57

```

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

```

10

180

185

<210> 58

<211> 177

<212> PRT

15 <213> *Vitis vinifera*

<220>

<223> producto de proteína sin nombre de la variedad cultivada de uva de vino PN40024, etiqueta de locus GSVIVT00027009001, N.º de acceso a GenBank CAO39744.1

20

<400> 58

```

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

```

<210> 59  
 <211> 178  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

<220>  
 <223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus  
 VITISV\_004915, N.º de acceso a GenBank CAN82501.1

<400> 59



# ES 2 709 025 T3

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

<210> 60  
 <211> 193  
 <212> PRT  
 <213> *Arachis hypogaea*

<220>  
 <223> proteína inducida por la patogénesis del cacahuete (PIP), N.º de acceso a GenBank ACG76109.1

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (162)...(162)  
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 60

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

<210> 61

<211> 217

5 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

10 <223> factor 3 de unión al elemento rico en AT del maíz, clon 300908, N.º de acceso a GenBank ACG39386.1

<400> 61

```

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

```

&lt;210&gt; 62

&lt;211&gt; 217

5 &lt;212&gt; PRT

<213> *Zea mays*

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; cepa del maíz B73, proteína desconocida, clon ZM\_BFb0036A01, N.º de acceso a GenBank ACF80077.1

10

&lt;400&gt; 62

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

<210> 63  
 <211> 206  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os06g0528300, N.º de acceso a GenBank NP\_001057772.1

<400> 63

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

<210> 64

<211> 206

5 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética Osl\_23215, N.º de acceso a GenBank EAZ01188.1

<400> 64

Met	Asn	Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Gly	Lys	Leu	Pro
1				5					10					15	
Met	Val	Ser	His	Arg	Gln	Val	Gln	Trp	Arg	Leu	Ala	Asp	Glu	Arg	Cys
			20					25					30		
Glu	Leu	Arg	Glu	Glu	Glu	Met	Glu	Tyr	Ile	Arg	Gln	Phe	His	Arg	His
			35					40				45			
Glu	Pro	Ser	Ser	Asn	Gln	Cys	Thr	Ser	Phe	Val	Ala	Lys	His	Ile	Lys

15

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

<210> 65  
 <211> 205  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética OsJ\_06125, N.º de acceso a GenBank EAZ22456.1

<400> 65

Met Val Glu Val Gly Gly Gly Ala Ala Glu Ala Ala Ala Gly Arg Arg	
1	5
Trp Arg Leu Ala Asp Glu Arg Cys Asp Leu Arg Ala Ala Glu Thr Glu	
	20
Tyr Val Arg Arg Phe His Arg His Glu Pro Arg Asp His Gln Cys Ser	
	35
Ser Ala Val Ala Lys His Ile Lys Ala Pro Val His Leu Val Trp Ser	
	50
Leu Val Arg Arg Phe Asp Gln Pro Gln Leu Phe Lys Pro Phe Val Ser	
65	70
Arg Cys Glu Met Lys Gly Asn Ile Glu Ile Gly Ser Val Arg Glu Val	
	85
Asn Val Lys Ser Gly Leu Pro Ala Thr Arg Ser Thr Glu Arg Leu Glu	
	100
Leu Leu Asp Asp Asn Glu His Ile Leu Ser Val Arg Phe Val Gly Gly	
	115
Asp His Arg Leu Lys Asn Tyr Ser Ser Ile Leu Thr Val His Pro Glu	
	130
Val Ile Asp Gly Arg Pro Gly Thr Leu Val Ile Glu Ser Phe Val Val	
145	150
Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu	
	165
Ala Leu Leu Lys Cys Asn Leu Lys Ser Leu Ala Glu Val Ser Glu Arg	
	180
Leu Val Cys Gln Gly Pro Asn Arg Ala Pro Ser Thr Arg	
	195
	200
	205

<210> 66  
 <211> 204

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

5 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os02g0255500, similar a la extensina (fragmento), N.º de acceso a GenBank NP\_001046464.1

<400> 66

```

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

```

10

<210> 67

<211> 199

<212> PRT

15 <213> *Medicago truncatula*

<220>

20 <223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFP\_FQ\_FR\_FS1G-G-11, N.º de acceso a GenBank ACJ86004.1

<400> 67

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

<210> 68

<211> 199

5 <212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<220>

10 <223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYF1\_F2\_F3\_FY1G-K-4, N.º de acceso a GenBank ACJ83958.1

<400> 68



```

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

```

<210> 69

<211> 197

5 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

10 <223> proteína CAPIP1 del maíz, clon 244179, N.º de acceso a GenBank ACG34726.1

<400> 69

```

Met Val Gly Leu Val Gly Gly Ser Thr Ala Arg Ala Glu His Val Val
 1      5      10      15
Ala Asn Ala Gly Gly Glu Ala Glu Tyr Val Arg Arg Met His Arg His
 20      25      30
Ala Pro Thr Glu His Gln Cys Thr Ser Thr Leu Val Lys His Ile Lys

```

[illegible]

<210> 70  
<211> 197  
<212> PRT  
<213> *Zea mays*

<220>  
<223> proteína CAPIP1 del maíz, clon 1448906, N.º de acceso a GenBank ACG26022.1  
<400> 70

[illegible]

<210> 71  
<211> 212

<212> PRT

<213> *Zea mays*

<220>

5 <223> proteína desconocida B73 de la cepa del maíz, clon ZM\_BFc0183D21, N.º de acceso a GenBank ACF86162.1

<400> 71

```

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

```

10

<210> 72

<211> 205

<212> PRT

15 <213> *Oryza sativa*

<220>

<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética conservada Os06g0527800, N.º de acceso a GenBank NP\_001057771.1

20

<400> 72

```

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

```

```

Ala Thr Arg Ser Thr Glu Arg Leu Glu Leu Leu Asp Asp Asn Glu His
115      120      125
Ile Leu Lys Val Lys Phe Ile Gly Gly Asp His Met Leu Lys Asn Tyr
130      135      140
Ser Ser Ile Leu Thr Ile His Ser Glu Val Ile Asp Gly Gln Leu Gly
145      150      155      160
Thr Leu Val Val Glu Ser Phe Val Val Asp Ile Pro Asp Gly Asn Thr
165      170      175
Lys Asp Asp Ile Cys Tyr Phe Ile Glu Asn Val Leu Arg Cys Asn Leu
180      185      190
Met Thr Leu Ala Asp Val Ser Glu Glu Arg Leu Ala Asn
195      200      205

```

<210> 73  
 <211> 197  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína desconocida B73 de la cepa del maíz, clon ZM\_BFc0063E17, N.º de acceso a GenBank ACF85073.1

<400> 73

```

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

```

<210> 74  
 <211> 206  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética Osl\_23218, N.º de acceso a GenBank EAZ01191.1

<400> 74

```

Met Asn Gly Val Gly Gly Ala Gly Gly Ala Ala Ala Gly Lys Leu Pro

```

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

<210> 75

<211> 209

5 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética conservada Os05g0213500, N.º de acceso a GenBank NP\_001054923.1

<400> 75

```

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

```

Gln 195 200 205

<210> 76  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>

<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína de tipo alérgeno Bet v I, clon OSJNBa0052K15, gen OSJNBa0052K15.17, N.º de acceso a GenBank BAD29692.1

<400> 76

```

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

```

<210> 77

<211> 176

5 <212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

10 <223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus  
VITISV\_029498, N.º de acceso a GenBank CAN64668.1

<400> 77

```

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

          85          90          95
Asp Glu His Ile Leu Ser Met Arg Ile Ile Gly Gly Asp His Arg Leu
 100          105          110
Arg Asn Tyr Ser Ser Ile Ile Ser Leu His Pro Glu Ile Ile Asp Gly
 115          120          125
Arg Pro Gly Thr Met Val Ile Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Glu
 130          135          140
Gly Asn Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Ser Leu Ala Asp Val Ser
 145          150          155          160
Glu Arg Leu Ala Val Ala Gly Thr Val Thr Glu Pro Ile Asp Arg Met
 165          170          175

```



<210> 78  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

5 <220>  
 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética, etiqueta de locus Osl\_06615, N.º de acceso a GenBank EEC72859.1

10 <400> 78

```

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

<210> 79  
 <211> 215  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

15 <220>  
 20 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_10498, N.º de acceso a GenBank EAZ26598.1

<400> 79

```

Met Pro Cys Ile Pro Ala Ser Ser Pro Gly Ile Pro His Gln His Gln
 1          5          10          15
His Gln His His Arg Ala Leu Ala Gly Val Gly Met Ala Val Gly Cys
    
```

25

```

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

```

<210> 80  
 <211> 186  
 <212> PRT  
 <213> *Rheum australe*

<220>  
 <223> Proteína similar a la proteína inducida por el patógeno del ruibarbo del Himalaya, N.º de acceso a GenBank ACH63237.1

<400> 80

```

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

```

<210> 81  
<211> 254  
<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

5  
<220>  
<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_016770, N.º de acceso a GenBank EAZ33287.1

10 <400> 81

```

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

```

<210> 82  
<211> 186  
<212> PRT  
<213> *Oryza sativa*

15  
<220>  
<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_005784, N.º de acceso a GenBank EAZ22301.1

<400> 82

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

<210> 83  
 <211> 150  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_005938, N.º de acceso a GenBank EAZ22455.1

<400> 83

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

<210> 84  
 <211> 206

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

5 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_018129, N.º de acceso a GenBank EAZ34646.1

<400> 84

```

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

```

10

<210> 85

<211> 396

<212> PRT

15 <213> *Vitis vinifera*

<220>

20 <223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus VITISV\_001710, N.º de acceso a GenBank CAN76441.1

20

<220>

<221> VARIANTE

<222> (1)...(396)

<223> Xaa = cualquier aminoácido

25

<400> 85

```

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

145      150      155      160
Gly Lys Tyr Met Ala Phe Cys Xaa Met Tyr Arg Asp Asn Val Ala Pro
165      170      175
Lys Gly Val Asn Xaa Ala Val Ala Thr Val Lys Thr Lys Arg Thr Ile
180      185      190
Gln Leu Lys Thr Ser Leu Glu Ile Ala Cys His Tyr Ala Gly Ile Asn
195      200      205
Ile Ser Gly Ile Asn Gly Glu Val Met Pro Gly Gln Trp Glu Tyr Gln
210      215      220
Val Gly Pro Gly Gln Cys Ser Ser Leu Leu Ala Gln Arg Val His Val
225      230      235      240
Pro Leu Ser Ala Val Gly Ser Val Val His Arg Phe Asp Lys Pro Gln
245      250      255
Arg Tyr Gln His Val Ile Lys Ser Cys Arg Ile Glu Asp Gly Phe Glu
260      265      270
Met Arg Met Gly Xaa Leu Arg Asp Val Asn Ile Ile Ser Gly Leu Pro
275      280      285
Thr Ala Thr Asn Thr Gly Arg Leu Asp Met Gln Asp Asp Glu Arg His
290      295      300
Val Thr Arg Cys Pro His Gln Arg Gln Ser Glu Ser Lys Tyr Thr Glu
305      310      315      320
Asn Asn Asn Ser Asp Ala Ser Ser Ile Lys Ser Pro Ile Asn Gly Pro
325      330      335
Ser Glu His Leu Lys Thr Ala Ala Ser Pro Lys Thr Glu Ser Ile Ile
340      345      350
Val Ile Asp Thr Ser Lys Phe Leu Asn Glu Glu Asp Phe Glu Gly Lys
355      360      365
Asp Glu Thr Ser Ser Ser Asn Gln Val Gln Ile Glu Asp Glu Asn Trp
370      375      380
Glu Thr Arg Phe Pro Asn Thr Asp Ala Gly Ile Trp
385      390      395

```

<210> 86  
 <211> 443  
 <212> PRT  
 <213> *Vitis vinifera*

<220>

<223> proteína hipotética de la variedad cultivada Pinot Noir de uva de vino, clon ENTAV 115, etiqueta de locus  
 VITISV\_014403, N.º de acceso a GenBank CAN9881.1

<220>  
 <221> VARIANTE  
 <222> (1)...(443)  
 <223> Xaa = cualquier aminoácido

5

<400> 86

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

Lys	Glu	Leu	His	Ala	Arg	Lys	Ile	Ser	Phe	Gly	Thr	Lys	Ser	Met	Ile
		115					120					125			
Xaa	Cys	Leu	Leu	Leu	Lys	Arg	Arg	Ser	Thr	Pro	Lys	Phe	Arg	Arg	Lys
		130				135					140				
Lys	Leu	Phe	Leu	Phe	Gln	Cys	Arg	Val	Gln	Met	Thr	Leu	Thr	Leu	Thr
145					150				155						160
Asn	Leu	Ala	Val	Ser	Gly	Ile	Ala	Gln	Thr	Leu	Gln	Val	Asp	Gln	Trp
			165						170					175	
Thr	Val	Cys	Ala	Leu	Ile	Phe	Met	Thr	Arg	Arg	Asp	Ile	His	Leu	Asp
			180					185					190		
Lys	Ala	Arg	Phe	Leu	Asp	Phe	Lys	Asp	Met	Gly	Lys	Leu	Leu	Ala	Asp
		195					200					205			
Ala	Ser	Gly	Leu	Arg	Lys	Ala	Leu	Ser	Gly	Gly	Xaa	Val	Thr	Ala	Gly
		210				215					220				
Met	Ala	Ile	Phe	Asp	Thr	Met	Arg	His	Ile	Arg	Pro	Asp	Val	Pro	Thr
225					230					235					240
Val	Cys	Val	Gly	Leu	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ile	Ala	Lys	Arg	Gly	Pro
			245						250					255	
Arg	His	Gly	Lys	Tyr	Met	Ala	Phe	Cys	Pro	Met	Tyr	Arg	Asp	Asn	Val
			260					265					270		
Ala	Pro	Lys	Gly	Val	Asn	Val	Ala	Val	Val	Thr	Val	Lys	Thr	Lys	Arg
		275					280					285			
Thr	Ile	Gln	Leu	Lys	Thr	Ser	Leu	Glu	Ile	Ala	Cys	His	Tyr	Ala	Gly
		290				295					300				
Ile	Asn	Ile	Ser	Gly	Ile	Asn	Gly	Glu	Val	Met	Pro	Gly	Gln	Trp	Glu
305				310						315					320
Tyr	Gln	Val	Gly	Pro	Gly	Gln	Cys	Ser	Ser	Leu	Leu	Ala	Gln	Arg	Val
			325						330					335	
His	Val	Pro	Leu	Ser	Ala	Val	Gly	Ser	Val	Val	His	Arg	Phe	Asp	Lys
			340					345					350		
Pro	Gln	Arg	Tyr	Gln	His	Val	Ile	Lys	Ser	Cys	Arg	Ile	Glu	Asp	Gly
		355					360					365			
Phe	Glu	Met	Arg	Met	Gly	Arg	Leu	Arg	Asp	Val	Asn	Ile	Ile	Ser	Gly
		370				375					380				
Leu	Pro	Thr	Ala	Thr	Asn	Thr	Gly	Arg	Leu	Asp	Met	Gln	Asp	Asp	Glu
385					390					395					400
Xaa	His	Val	Thr	Arg	Cys	Pro	His	Gln	Arg	Gln	Ser	Glu	Ser	Lys	Tyr
			405						410					415	
Thr	Glu	Asn	Asn	Asn	Ser	Asp	Ala	Ser	Ser	Val	Lys	Ser	Pro	Ile	Asn
			420					425					430		
Gly	Pro	Ser	Glu	His	Leu	Lys	Thr	Ala	Ala	Xaa					
		435					440								

<210> 87  
 <211> 95  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo indica de arroz, variedad cultivada Pokkali, proteína capipl, clon OSR-385-428-D5, N.º de acceso a GenBank ABR25904.1

<400> 87



Glu Ile Gly Ser Val Arg Glu Val Asn Val Lys Thr Gly Leu Pro Ala  
 1 5 10 15  
 Thr Thr Ser Thr Glu Arg Leu Glu Leu Asp Asp Asp Glu His Ile  
 20 25 30  
 Leu Ser Val Lys Phe Val Gly Gly Asp His Arg Leu Arg Asn Tyr Ser  
 35 40 45  
 Ser Ile Val Thr Val His Pro Glu Ser Ile Asp Gly Arg Pro Gly Thr  
 50 55 60  
 Leu Val Ile Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Lys

65 70 75 80  
 Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Val Ile Lys Cys Asn Leu  
 85 90 95

<210> 88  
 <211> 191  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína desconocida B73 de la cepa del maíz, clon ZM\_BFc0034O07, N.º de acceso a GenBank ACF84624.1

<400> 88

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

<210> 89  
 <211> 239  
 <212> PRT  
 <213> *Oryza sativa*

<220>  
 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ\_020681, N.º de acceso a GenBank EAZ37198.1

<400> 89

# ES 2 709 025 T3

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

<210> 90  
 <211> 188  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína GRMZM2G154987\_P01 del maíz

<400> 90

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

<210> 91  
 <211> 205  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína GRMZM2G134731\_P01 del maíz  
 <400> 91

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

<210> 92  
 <211> 220  
 <212> PRT  
 <213> *Zea mays*

<220>  
 <223> proteína GRMZM2G144224\_P01 del maíz

<400> 92

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

<210> 93  
<211> 221  
<212> PRT  
<213> *Glycine max*

<220>  
<223> proteína Glyma01g02290.1 de la soja  
<400> 93

```

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

```

<210> 94  
 <211> 214  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>  
 <223> proteína Glyma01g12970.1 de la soja

<400> 94

```

Met Glu Lys Thr His Ser Ser Ser Ala Glu Glu Gln Asp Pro Thr Arg
 1          5          10          15
Arg His Leu Asp Pro Pro Pro Gly Leu Thr Ala Glu Glu Phe Glu Asp
          20          25          30
Leu Lys Pro Ser Val Leu Glu His His Thr Tyr Ser Val Thr Pro Thr
          35          40          45
Arg Gln Ser Ser Ser Leu Leu Ala Gln Arg Ile His Ala Pro Pro His
          50          55          60
Ala Val Trp Ser Val Val Arg Cys Phe Asp Asn Pro Gln Ala Tyr Lys

```

```

65          70          75          80
His Phe Ile Lys Ser Cys His Val Lys Glu Gly Phe Gln Leu Ala Val
      85          90          95
Gly Ser Thr Arg Asp Val His Val Ile Ser Gly Leu Pro Ala Ala Thr
      100         105         110
Ser Thr Glu Arg Leu Asp Leu Leu Asp Asp Arg His Val Ile Gly
      115         120         125
Phe Thr Ile Val Gly Gly Asp His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val
      130         135         140
Thr Ser Val His Gly Phe Glu Cys Asp Gly Lys Ile Trp Thr Val Val
145         150         155         160
Leu Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp
      165         170         175
Thr Arg Leu Phe Ala Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu
      180         185         190
Ala Ser Val Ser Glu Gly Met Cys Gly Asp Gly Asp Gly Asp Gly Asp
      195         200         205
Gly Lys Gly Asn Lys Ser
      210

```

<210> 95  
 <211> 216  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

<220>  
 <223> proteína Glyma01g31320.1 de la soja

<400> 95

```

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

```

<210> 96  
 <211> 208

<212> PRT  
<213> *Glycine max*

<220>

5 <223> proteína Glyma02g42990.1 de la soja

<400> 96

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

10

<210> 97  
<211> 176  
<212> PRT  
<213> *Glycine max*

15

<220>  
<223> proteína Glyma04g05380.1 de la soja

<400> 97

20



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

<210> 98  
 <211> 172  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>  
 <223> proteína Glyma06g05440.1 de la soja

<400> 98

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

<210> 99  
 <211> 191  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>

<223> proteína Glyma06g13150.1 de la soja

<400> 99

5

```

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

```

```

          130          135          140
Thr Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Ile Lys Cys Asn
145          150          155          160
Leu Lys Ser Leu Ala Asp Val Ser Glu Gly Leu Thr Leu Gln Asp His
          165          170          175
Thr Glu Pro Ile Asp Arg Lys Tyr Glu Leu Leu Ile Thr Arg Gly
          180          185          190

```

<210> 100

<211> 185

<212> PRT

<213> *Glycine max*

10

<220>

<223> proteína Glyma07g06270.1 de la soja

<400> 100

15

```

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

```

<210> 101  
 <211> 178  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>  
 <223> proteína Glyma07g19120.1 de la soja

<400> 101

```

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

Ser Gly Leu Pro Ala Ala Val Ser Thr Glu Arg Leu Asp Val Leu Asp
      85          90          95
Asp Glu Arg His Val Ile Gly Phe Ser Met Val Gly Gly Asp His Arg
      100          105          110
Leu Ser Asn Tyr Arg Ser Val Thr Ile Leu His Pro Arg Ser Ala Thr
      115          120          125
Asp Thr Val Val Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Ala Gly Asn
130          135          140
Thr Thr Glu Asp Thr Arg Val Phe Val Asp Thr Ile Leu Arg Cys Asn
145          150          155          160
Leu Gln Ser Leu Ala Lys Phe Ala Glu Asn Leu Thr Asn Lys Leu His
      165          170          175
Gln Arg

```

<210> 102  
 <211> 246  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<220>  
 <223> proteína Glyma08g36770.1 de la soja

<400> 102

10

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

<210> 103  
 <211> 223  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

15

<220>  
 <223> proteína Glyma09g33700.1 de la soja

<400> 103

20

```

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

```

&lt;210&gt; 104

&lt;211&gt; 229

&lt;212&gt; PRT

<213> *Glycine max*

&lt;220&gt;

&lt;223&gt; proteína Glyma11g35670.1 de la soja

&lt;400&gt; 104

```

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

```

Leu Arg Asn Tyr Gln Ser Val Thr Thr Leu His Ala Asn Gly Asn Gly  
165 170 175  
Thr Leu Val Ile Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Gln Gly Asn Thr  
180 185 190  
Lys Glu Glu Thr Cys Val Phe Val Asp Thr Ile Val Arg Cys Asn Leu  
195 200 205  
Gln Ser Leu Ala Gln Ile Ala Glu Asn Arg Thr Asn Asn Cys Glu His  
210 215 220  
Thr Ala Gln His Cys  
225

<210> 105  
<211> 191  
<212> PRT  
<213> *Glycine max*

<220>  
<223> proteína Glyma13g08120.1 de la soja  
<400> 105

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

<210> 106  
<211> 169  
<212> PRT  
<213> *Glycine max*

<220>  
<223> proteína Glyma14g06100.1 de la soja  
<400> 106

# ES 2 709 025 T3

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

<210> 107  
 <211> 210  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

<220>  
 <223> proteína Glyma14g10730.1 de la soja  
 <400> 107

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

<210> 108  
 <211> 193  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

<220>  
 <223> proteína Glyma14g30260.1 de la soja

<400> 108



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

<210> 109  
 <211> 188  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>  
 <223> proteína Glyma17g34800.1 de la soja

<400> 109

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

<210> 110  
 <211> 177  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

5

<220>  
 <223> proteína Glyma18g43680.1 de la soja

<400> 110

10

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

<210> 111  
 <211> 185  
 <212> PRT  
 <213> *Glycine max*

15

<220>  
 <223> proteína Glyma07g06270.2 de la soja

20

<400> 111

```

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

145          150          155          160
Arg Cys Asn Leu Ser Ser Leu Ala Asp Val Ser Glu Arg Met Ala Val
      165          170          175
Gln Gly Arg Thr Asn Pro Ile Asn His
      180          185

```

<210> 112  
 <211> 191  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<220>  
 <223> proteína Glyma16g02910.1 de la soja

<400> 112

```

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

```

<210> 113  
<211> 185  
<212> PRT  
<213> Secuencia artificial

<220>  
<223> proteína sintética del receptor PYR/PYL

<400> 113

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

Asp	Glu	Glu	His	Ile	Leu	Gly	Ile	Arg	Ile	Val	Gly	Gly	Asp	His	Arg
			100					105					110		
Leu	Arg	Asn	Tyr	Ser	Ser	Ile	Ile	Thr	Val	His	Pro	Glu	Val	Ile	Asp
		115						120				125			
Gly	Arg	Pro	Ser	Thr	Met	Val	Ile	Glu	Ser	Phe	Val	Val	Asp	Val	Pro
		130				135					140				
Asp	Gly	Asn	Thr	Arg	Asp	Glu	Thr	Cys	Tyr	Phe	Val	Glu	Ala	Leu	Ile
145					150					155					160
Arg	Cys	Asn	Leu	Ser	Ser	Leu	Ala	Asp	Val	Ser	Glu	Arg	Met	Ala	Val
			165						170					175	
Gln	Gly	Arg	Thr	Asp	Pro	Ile	Asn	His							
			180					185							

<210> 114  
<211> 204  
<212> PRT  
<213> *Sorghum bicolor*

<220>  
<223> proteína Sb10g022200 del sorgo

<400> 114

```

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

```

<210> 115

<211> 204

<212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<223> proteína Sb04g008040 del sorgo

<400> 115

```

Met Glu Pro His Met Glu Thr Ala Leu Arg Gln Gly Gly Leu Ser Glu
 1          5          10          15
Leu Glu Gln Arg Glu Leu Glu Pro Val Val Arg Ala His His Thr Phe

```

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

<210> 116

<211> 258

<212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

 $\langle 220 \rangle$ 

<223> proteína Sb01g028330 del sorgo

<400> 116

[illegible]

<210> 117  
<211> 222  
<212> PRT  
<213> *Sorghum bicolor*

<220>  
<223> proteína Sb01g038150 del sorgo

<400> 117

```

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

```

<210> 118

<211> 211

<212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<223> proteína Sb04g009280 del sorgo

<400> 118

```

Met Val Glu Met Asp Gly Gly Val Gly Val Val Gly Gly Gly Gln Gln
 1      5      10      15
Thr Pro Ala Pro Arg Arg Trp Arg Leu Ala Asp Glu Leu Arg Cys Asp
 20      25      30
Leu Arg Ala Met Glu Thr Asp Tyr Val Arg Arg Phe His Arg His Glu
 35      40      45
Pro Arg Asp His Gln Cys Ser Ser Ala Val Ala Lys His Ile Lys Ala
 50      55      60

```



```

Pro Val His Leu Val Trp Ser Leu Val Arg Arg Phe Asp Gln Pro Gln
65      70      75      80
Leu Phe Lys Pro Phe Val Ser Arg Cys Glu Met Lys Gly Asn Ile Glu
      85      90      95
Ile Gly Ser Val Arg Glu Val Asn Val Lys Ser Gly Leu Pro Ala Thr
      100     105     110
Arg Ser Thr Glu Arg Leu Glu Leu Leu Asp Asp Asn Glu His Ile Leu
      115     120     125
Ser Val Lys Phe Val Gly Gly Asp His Arg Leu Gln Asn Tyr Ser Ser
      130     135     140
Ile Leu Thr Val His Pro Glu Val Ile Asp Gly Arg Pro Gly Thr Leu
145     150     155     160
Val Ile Glu Ser Phe Val Val Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Lys Asp
      165     170     175
Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Leu Leu Lys Cys Asn Leu Lys Ser
      180     185     190
Leu Ala Glu Val Ser Glu Arg Gln Val Ile Lys Asp Gln Thr Glu Pro
      195     200     205
Leu Asp Arg
      210

```

<210> 119  
 <211> 216  
 <212> PRT  
 <213> *Sorghum bicolor*

<220>  
 <223> proteína Sb09g023180 del sorgo

<400> 119

```

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

```

<210> 120  
 <211> 20

# ES 2 709 025 T3

<212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

5 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT1G05100 MAPKKK18

<400> 120  
 aagcggcgcgcggaggagaga 20

10 <210> 121  
 <211> 20  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

15 <220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT1G05100 MAPKKK18

<400> 121  
 gctgtccatc tctccgtcgc 20

20 <210> 122  
 <211> 21  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

25 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52310 RD29A

<400> 122  
 tgaagtgatc gatgcaccag g 21

30 <210> 123  
 <211> 22  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

35 <220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52310 RD29A

40 <400> 123  
 gacacgacag gaaacacctt tg 22

<210> 124  
 <211> 25  
 45 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52300 RD29B

50 <400> 124  
 tatgaatcct ctgccgtgag aggtg 25

<210> 125  
 <211> 24  
 55 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52300 RD29B

60 <400> 125  
 acaccactga gataatccga tctt 24

5 <210> 126  
 <211> 22  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT4G34000 ABF3F  
 <400> 126  
 10 gttgatggtg tgagtgagca gc 22  
 <210> 127  
 <211> 23  
 <212> ADN  
 15 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT4G34000 ABF3F  
 20 <400> 127  
 aaccattac tagctgtccc aag 23  
 <210> 128  
 <211> 22  
 25 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT2G46270 GBF3  
 30 <400> 128  
 gacgcttttg agcatcgaca ct 22  
 <210> 129  
 <211> 23  
 35 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT2G46270 GBF3  
 40 <400> 129  
 actgtttcct tcgctcccg ttc 23  
 <210> 130  
 <211> 19  
 45 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno ACT2 de *Arabidopsis*  
 50 <400> 130  
 ctcatgaaga tccttacag 19  
 55 <210> 131  
 <211> 20  
 <212> ADN  
 60 <213> Secuencia artificial  
 <220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno ACT2 de *Arabidopsis*  
 <400> 131

# ES 2 709 025 T3

ctttcagggtg gtgcaacgac 20

5 <210> 132  
<211> 20  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

10 <220>  
<223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para GmNAC4 de soja

<400> 132  
acgtcagttc cgcaaaagat 20

15 <210> 133  
<211> 19  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

20 <220>  
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para GmNAC4 de soja

<400> 133  
ggaccggtg gtttctcac 19

25 <210> 134  
<211> 23  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

30 <220>  
<223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para GmbZIP1 de soja

<400> 134  
gggaatggga atttgggtga gaa 23

35 <210> 135  
<211> 21  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

40 <220>  
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para GmbZIP1 de soja

<400> 135  
ccttctgccg gggctagcat g 21

45 <210> 136  
<211> 23  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

50 <220>  
<223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Gm18S de soja

55 <400> 136  
cctgcggtt aattgactc aac 23

60 <210> 137  
<211> 19  
<212> ADN  
<213> Secuencia artificial

<220>

## ES 2 709 025 T3

<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Gm18S de soja

<400> 137  
 5 taagaacggc catgcacca 19

<210> 138  
 <211> 19  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

10 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para HVA1 de cebada

<400> 138  
 15 aacacgctgg gcatgggag 19

<210> 139  
 <211> 22  
 <212> ADN  
 20 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para HVA1 de cebada

25 <400> 139  
 cgaacgacca aacacgacta aa 22

<210> 140  
 <211> 20  
 30 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para HvDRF1 de cebada

35 <400> 140  
 cgggcggcgc gattgcgagc 20

<210> 141  
 <211> 20  
 40 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

<220>  
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para HvDRF1 de cebada

45 <400> 141  
 acggaattag ggccatcacg 20

<210> 142  
 <211> 20  
 50 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

55 <220>  
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Hvtubulin2 de cebada

<400> 142  
 60 tccatgatgg ccaagtgtga 20

<210> 143  
 <211> 21  
 <212> ADN  
 <213> Secuencia artificial

	<220>		
	<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Hvtubulin2 de cebada		
5	<400> 143 gacatcccca cggtagatga g	21	
	<210> 144 <211> 18 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
10	<220> <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmIEA de maíz		
15	<400> 144 gcagcaggca ggggagaa	18	
20	<210> 145 <211> 19 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
25	<220> <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmIEA de maíz		
	<400> 145 gccgagcgag ttcatcatc	19	
30	<210> 146 <211> 23 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
35	<220> <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmRAB17 de maíz <400> 146 atgagtacgg tcagcagggg cag	23	
40	<210> 147 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
45	<220> <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmRAB17 de maíz		
	<400> 147 ctccctcgca ggctggaact g	21	
50	<210> 148 <211> 27 <212> ADN <213> Secuencia artificial		
55	<220> <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno ZmUbi de maíz		
60	<400> 148 tgccgatgtg cctgcgtcgt ctggtgc	27	
	<210> 149 <211> 26 <212> ADN <213> Secuencia artificial		

<220>

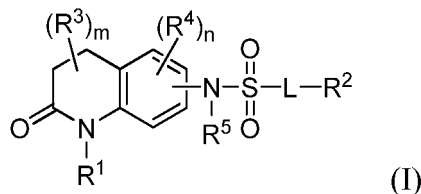
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno ZmUbi de maíz

<400> 149

5 tgaagacag aacataatga gcacag 26

## REIVINDICACIONES

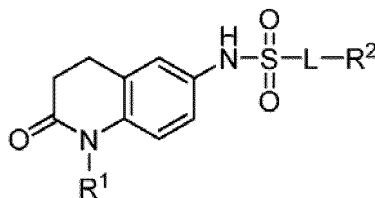
1. Una formulación agrícola, que comprende un compuesto de Fórmula I:



en la que:

R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C<sub>1-6</sub>, alqueno C<sub>2-6</sub>, alquino C<sub>2-6</sub>, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo,  
 R² se selecciona de entre el grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R<sup>2a</sup>,  
 cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C<sub>1-6</sub>, alcoxi C<sub>1-6</sub>, haloalquilo C<sub>1-6</sub>, haloalcoxi C<sub>1-6</sub>, alqueno C<sub>2-6</sub>, alquino C<sub>2-6</sub>, -OH, alquilhidroxi C<sub>1-6</sub>, -CN, -NO<sub>2</sub>, -C(O)R<sup>2b</sup>, -C(O)R<sup>2b</sup>, -OC(O)R<sup>2b</sup>, -C(O)NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, -NR<sup>2b</sup>C(O)R<sup>2c</sup>, -SO<sub>2</sub>R<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>OR<sup>2b</sup>, -SO<sub>2</sub>NR<sup>2b</sup>R<sup>2c</sup>, y -NR<sup>2b</sup>SO<sub>2</sub>R<sup>2c</sup>,  
 cada uno de R<sup>2b</sup> y R<sup>2c</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>,  
 cada uno de R³, R⁴ y R⁵ se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C<sub>1-6</sub>,  
 L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alqueno C<sub>1-6</sub>,  
 el subíndice m es un número entero de 0 a 4,  
 el subíndice n es un número entero de 0 a 3,  
 o una sal o isómero del mismo;  
 en la que la sulfonamida -N(R⁵)SO<sub>2</sub>LR² está en la posición 6.

2. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto tiene la fórmula:



3. La formulación de la reivindicación 2, en la que:

R¹ es alquilo C<sub>1-6</sub> y  
 R² se selecciona de entre el grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R<sup>2a</sup>.

4. La formulación de la reivindicación 3, en la que:

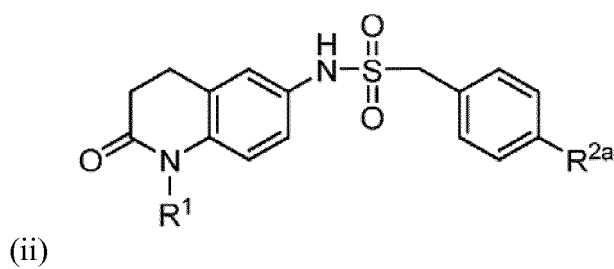
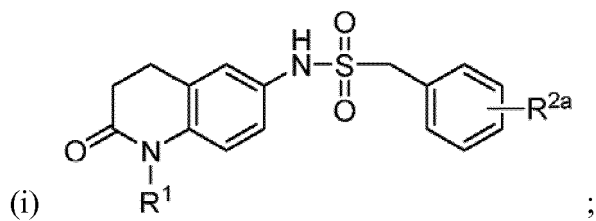
- (i) cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno y alquilo C<sub>1-6</sub>; o  
 (ii) R² se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo, naftilo, tiofeno, furano, pirrolo y piridilo.

5. La formulación de la reivindicación 3, en la que:

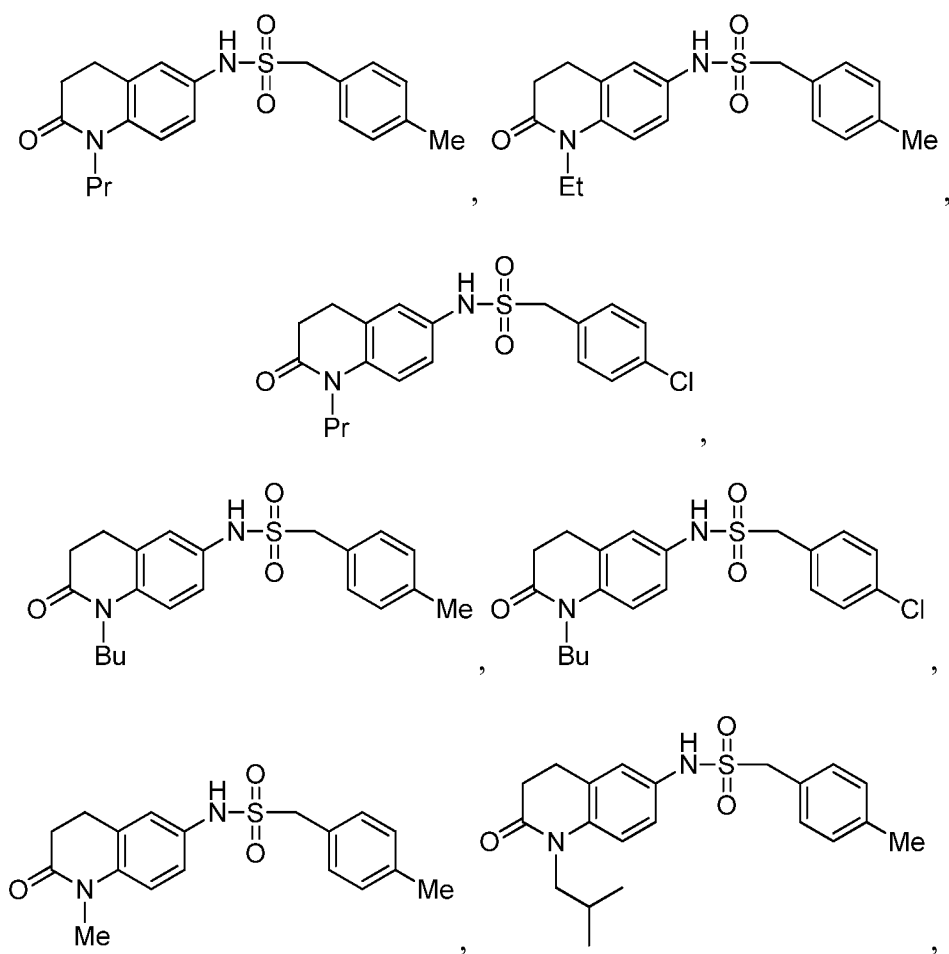
R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en metilo, etilo, propilo, isopropilo, butilo, iso-butilo, sec-butilo, *terc*-butilo, pentilo, isopentilo, neo-pentilo y hexilo;  
 R² se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo y tiofeno, cada uno opcionalmente sustituido con 1 grupo R<sup>2a</sup>; cada R<sup>2a</sup> se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, F, Cl, metilo y etilo; y  
 L se selecciona de entre el grupo que consiste en un enlace y metileno.

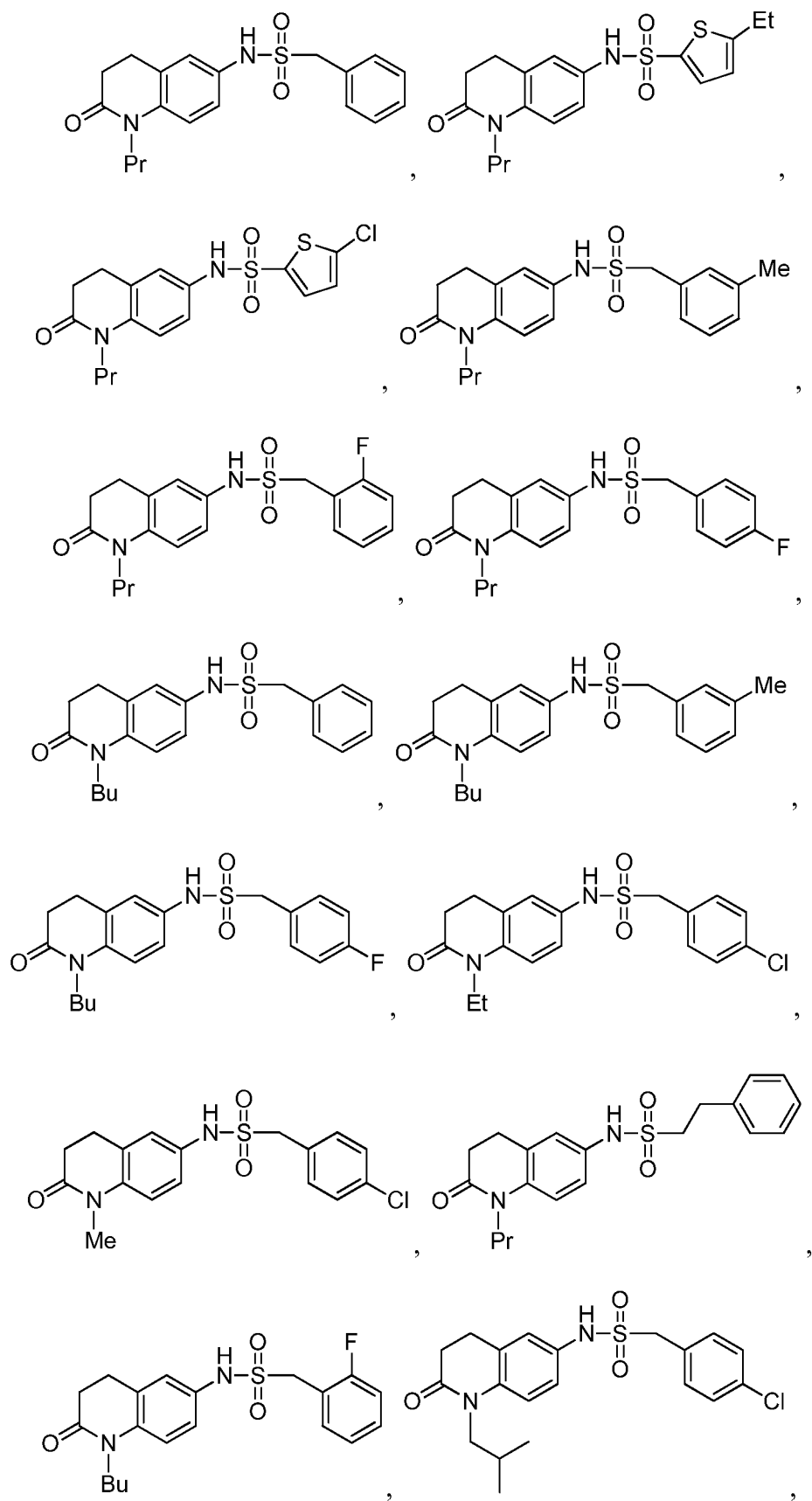
6. La formulación de la reivindicación 5, en la que el compuesto tiene la fórmula:

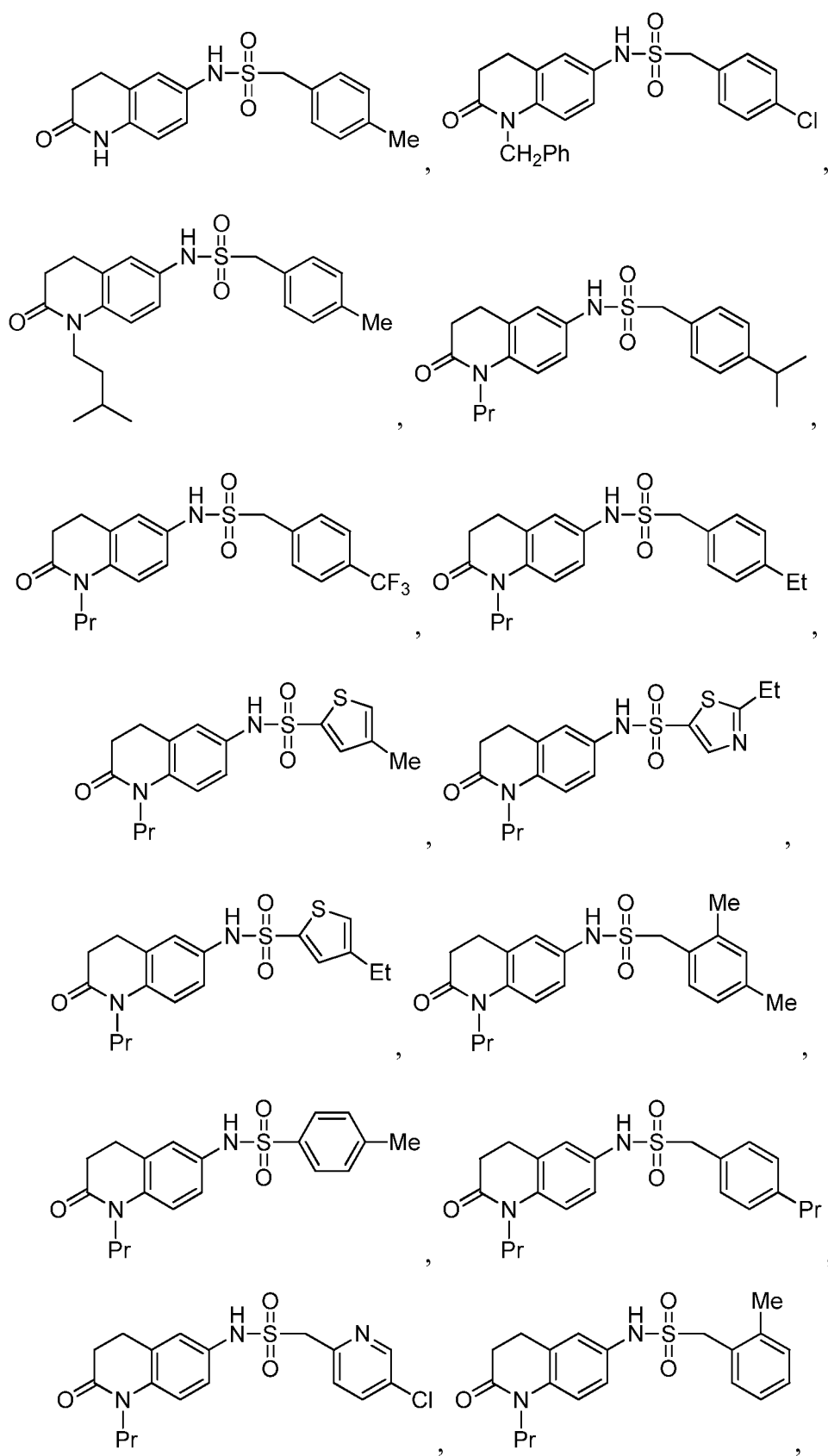


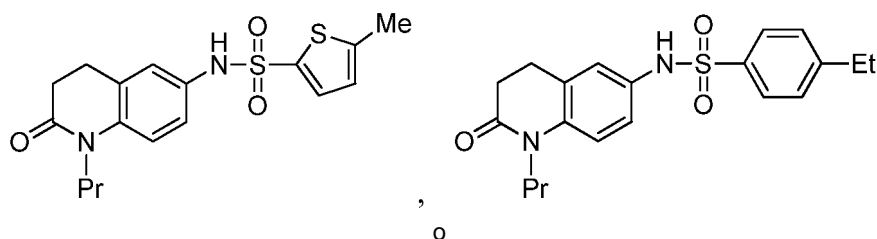


7. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto es uno de los compuestos que se muestran a continuación:

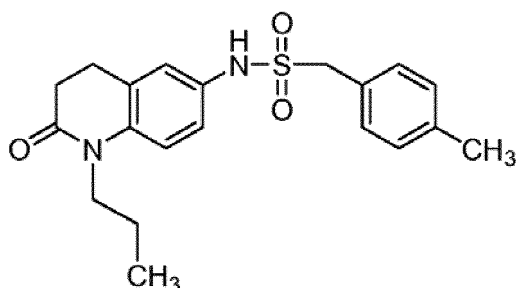








8. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto es



9. La formulación de la reivindicación 1, que comprende además:

- (i) al menos uno de un fungicida, un herbicida, un plaguicida, un nematocida, un insecticida, un activador de plantas, un sinergista, un protector de herbicidas, un regulador del crecimiento de la planta, un repelente de insectos, un acaricida, un molusquicida o un fertilizante;
- (ii) un tensioactivo; o
- (iii) un portador.

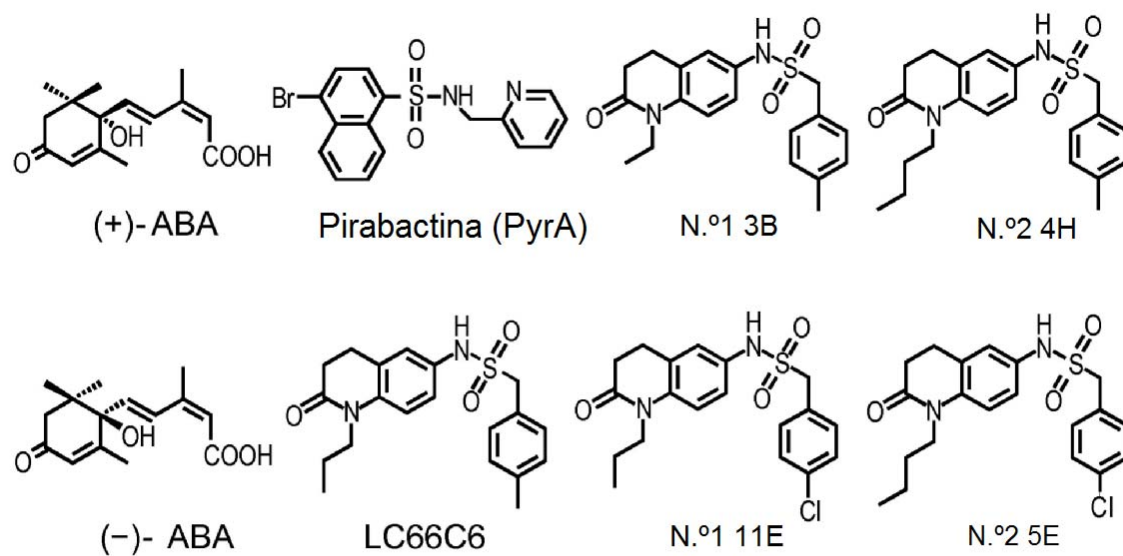
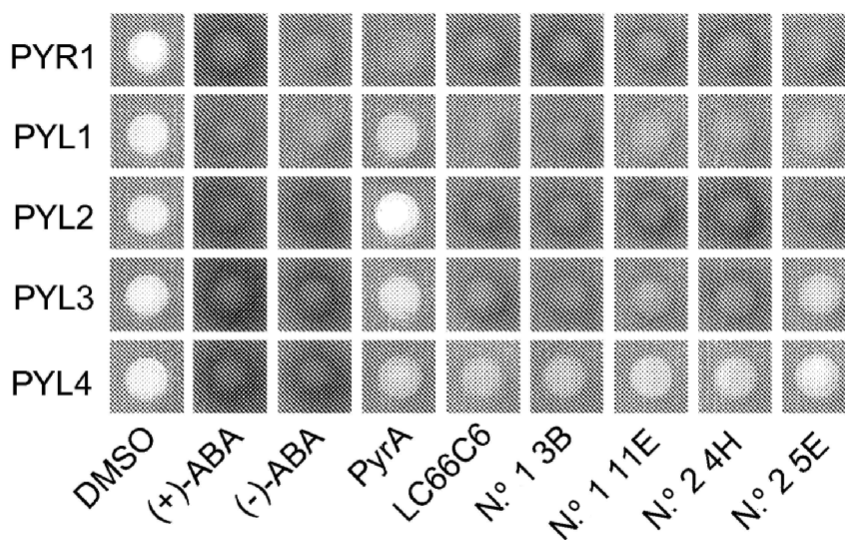
10. Un método de aumento de la tolerancia al estrés abiótico en una planta, comprendiendo el método poner en contacto una planta con una cantidad suficiente de la formulación de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en la planta en comparación con no poner en contacto la planta con la formulación.

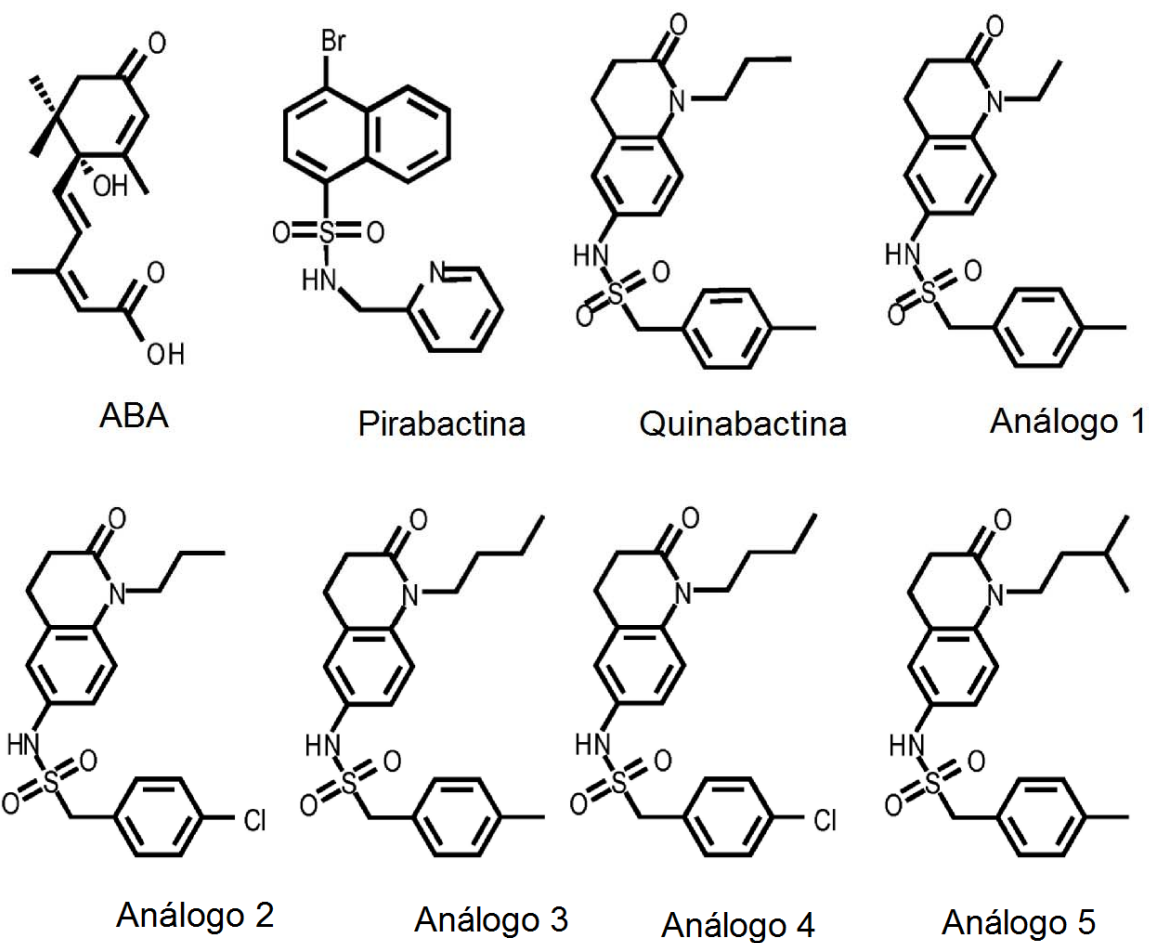
11. Un método de inhibición de la germinación de semillas en una planta, comprendiendo el método poner en contacto una semilla con una cantidad suficiente de la formulación de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 para inhibir la germinación.

12. Una planta que comprende la formulación como en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9.

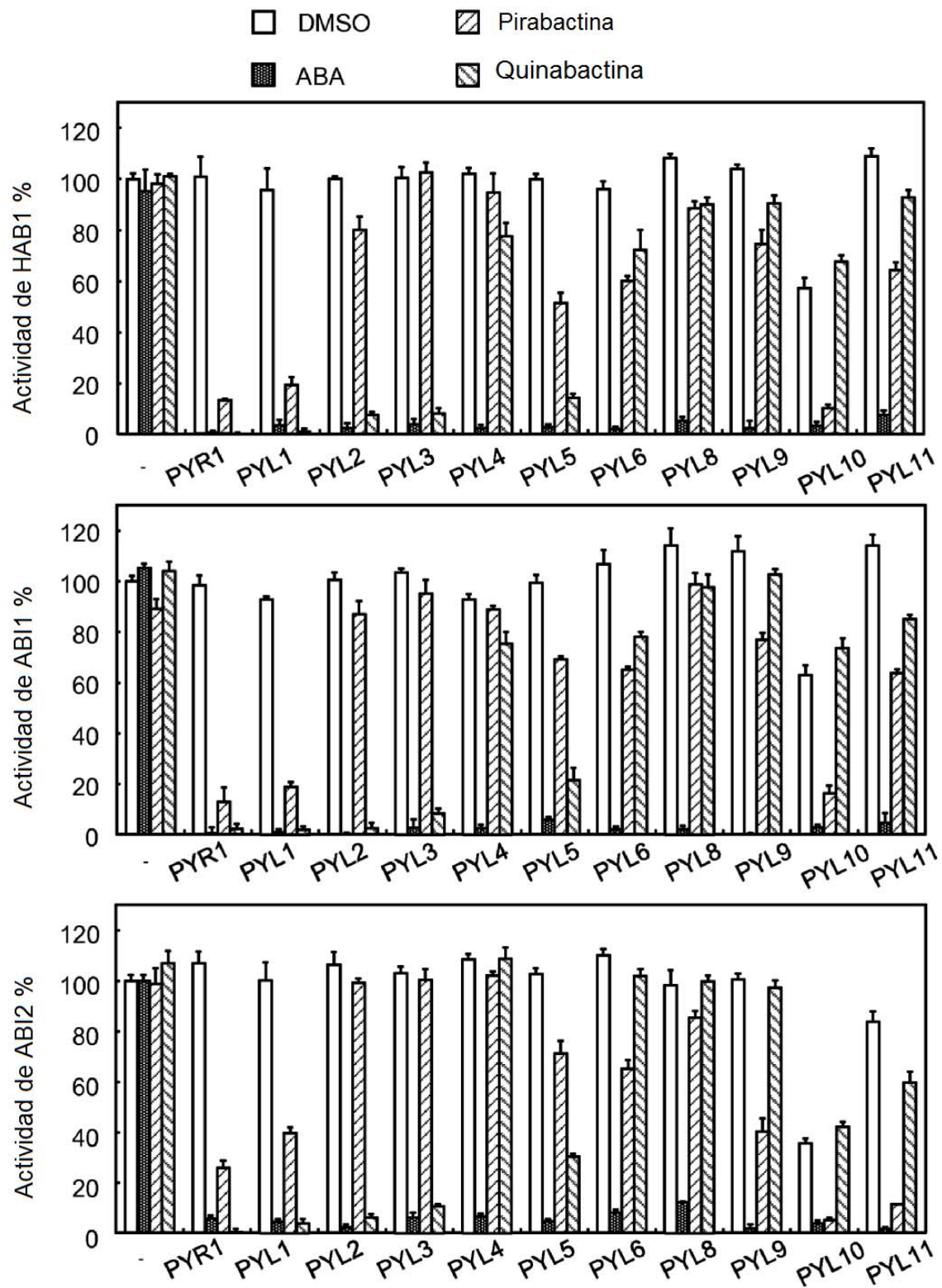
13. Una semilla que comprende la formulación como en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9.

14. Un método de activación de una proteína PYR/PYL, comprendiendo el método poner en contacto la proteína PYR/PYL con el compuesto divulgado en cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8.

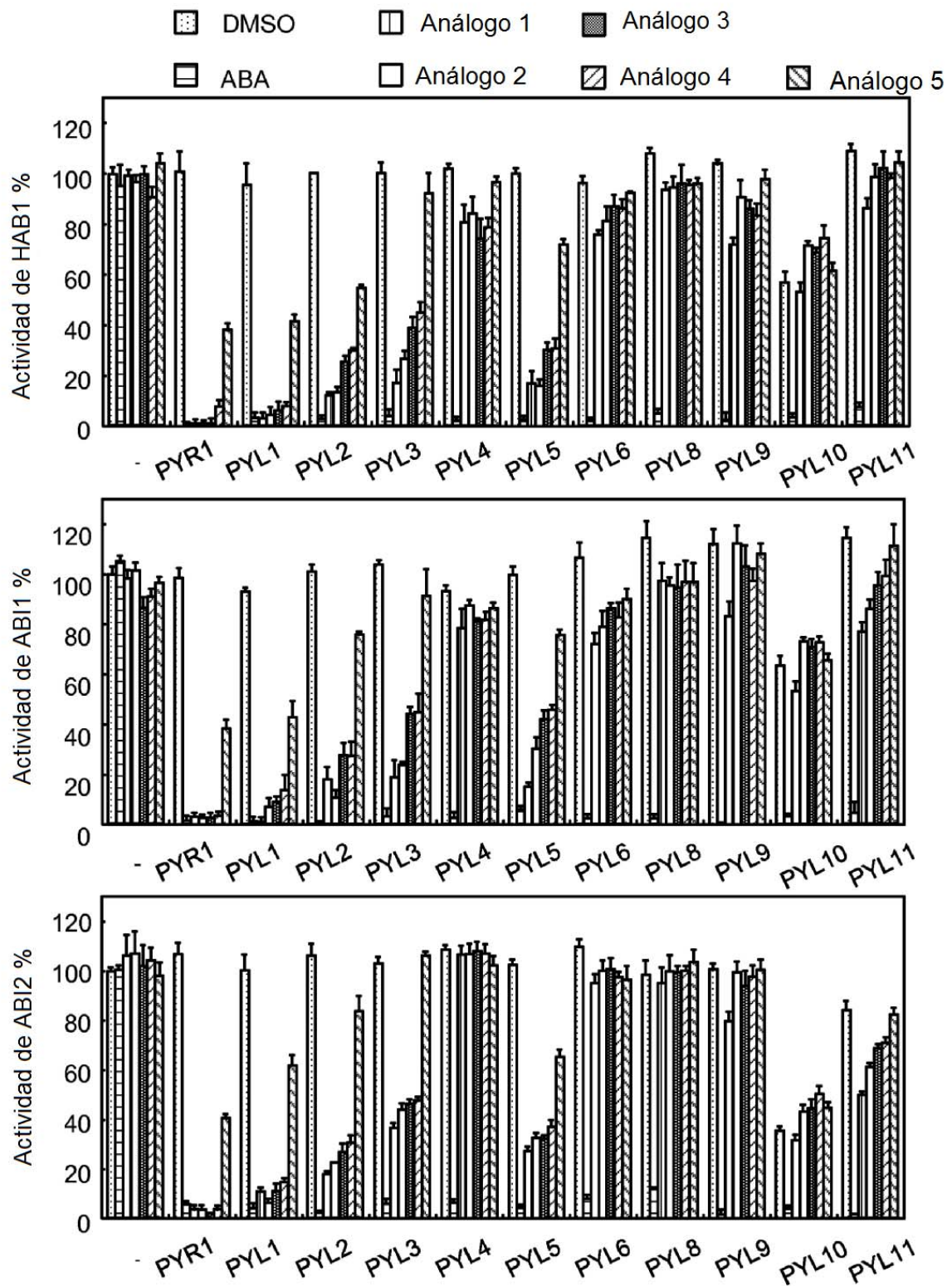
**FIG. 1A****FIG. 1B**



**FIG. 2A**

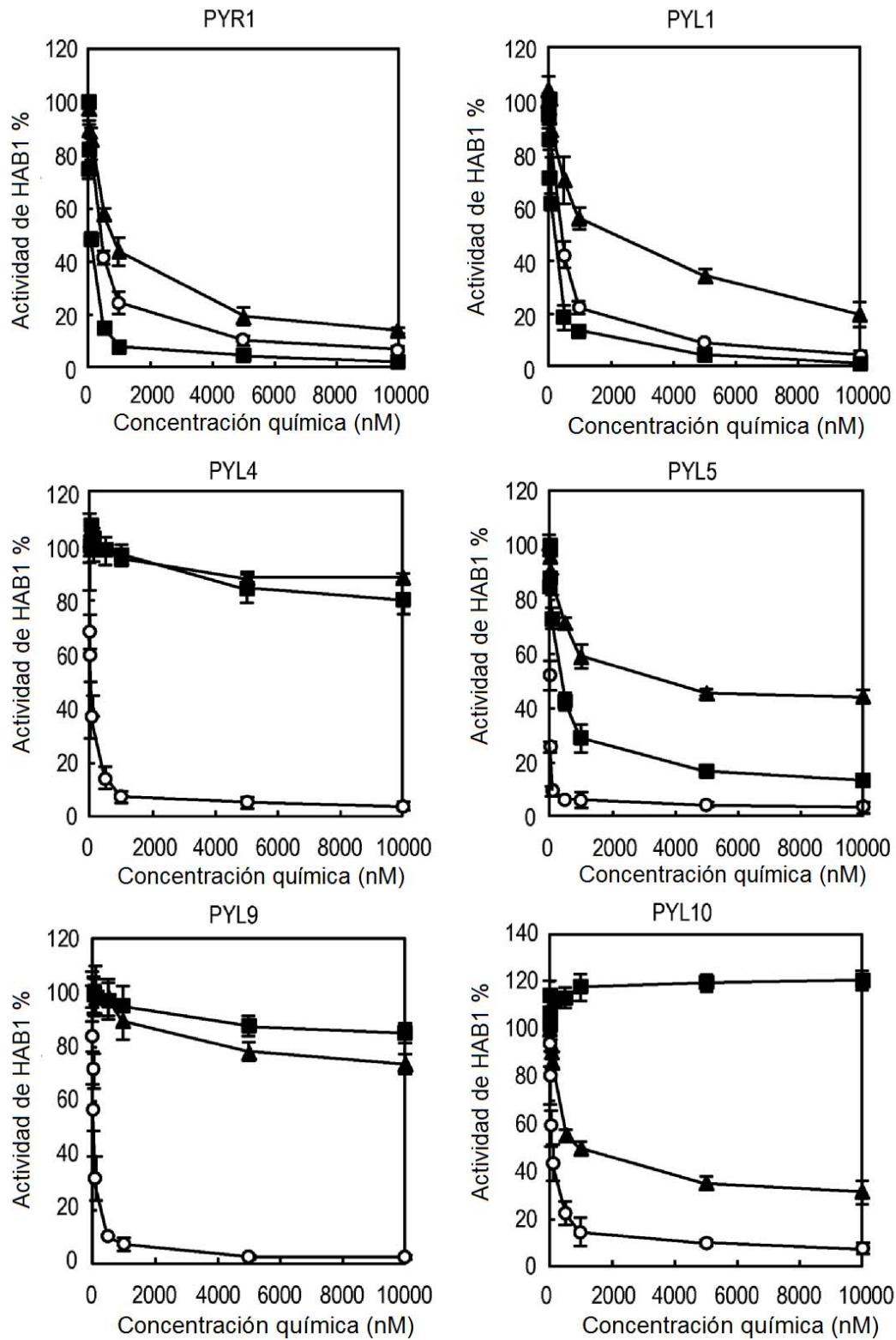


**FIG. 2B**

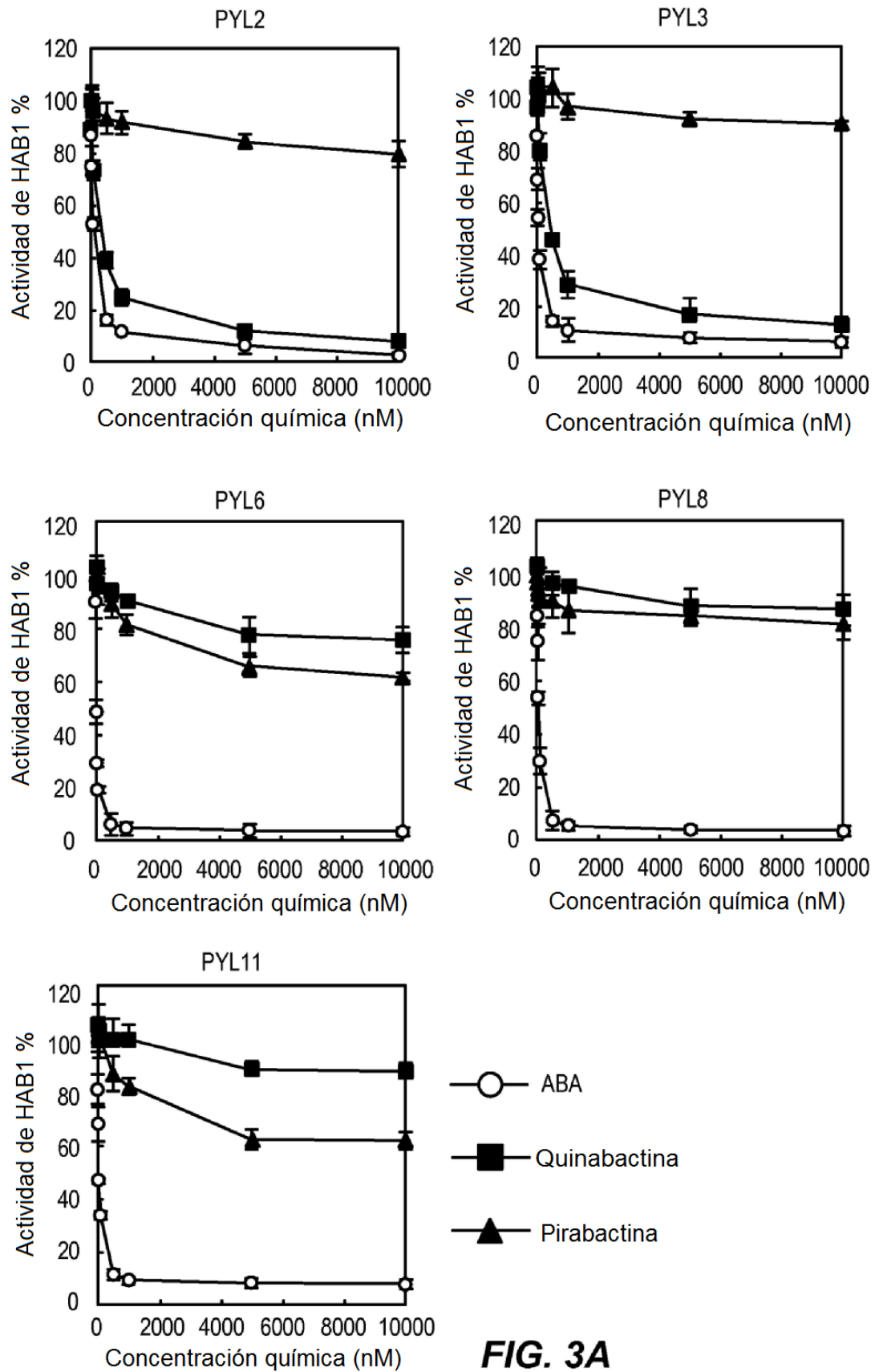


**FIG. 2C**





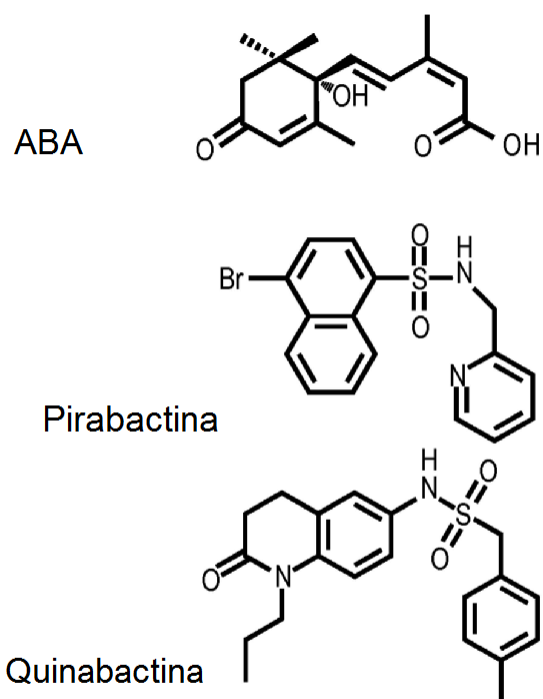
**FIG. 3A**

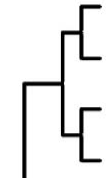
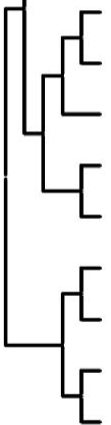


**FIG. 3A**  
(Continuación)

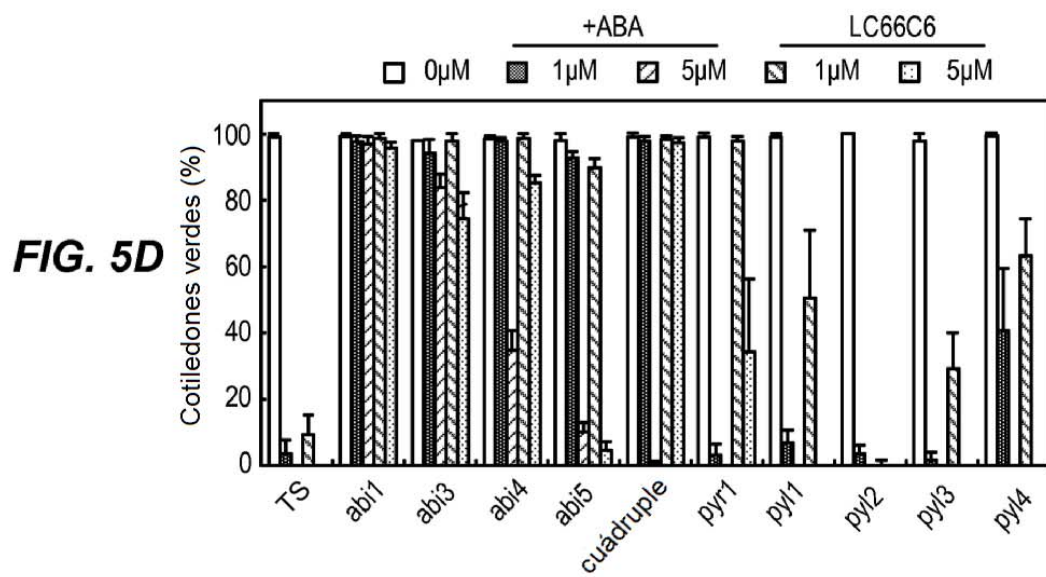
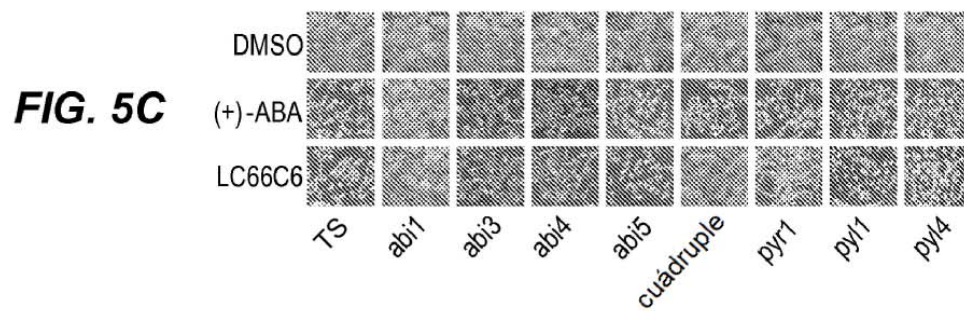
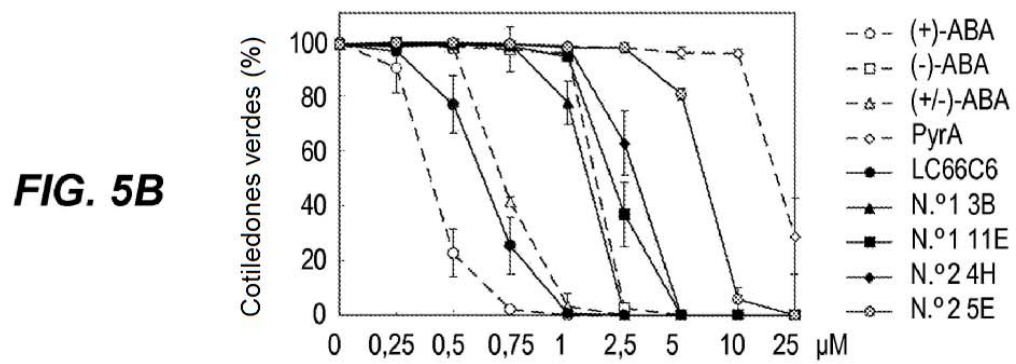
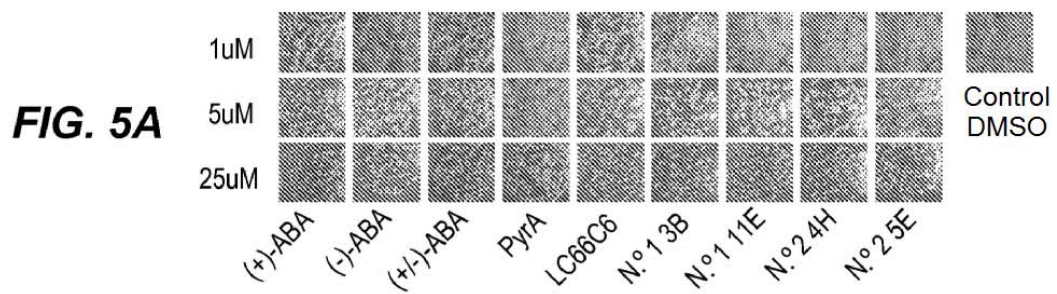
Cl <sub>50</sub> (nM)	Tipo dimérico			Tipo monomérico							
	PYR1	PYL1	PYL2	PYL3	PYL4	PYL5	PYL6	PYL8	PYL9	PYL10	PYL11
ABA	307	301	151	70	68	27	29	57	60	121 (*18)	64
Quina	103	250	267	724	>10 uM	649	>10 uM	>10 uM	>10 uM	>10 uM (*>10 uM)	>10 uM
PyrA	656	1197	>10 uM	>10 uM	>10 uM	5174	>10 uM	>10 uM	>10 uM	1892 (*206)	>10 uM

**FIG. 3B**

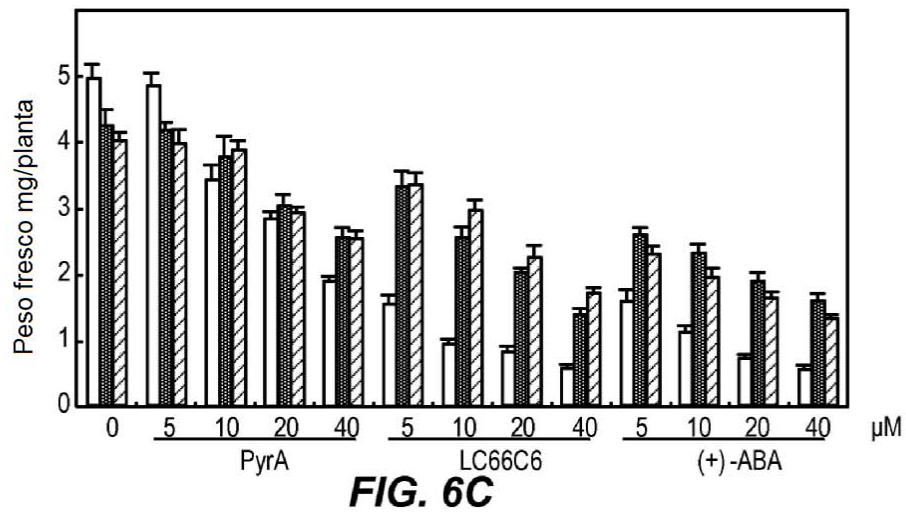
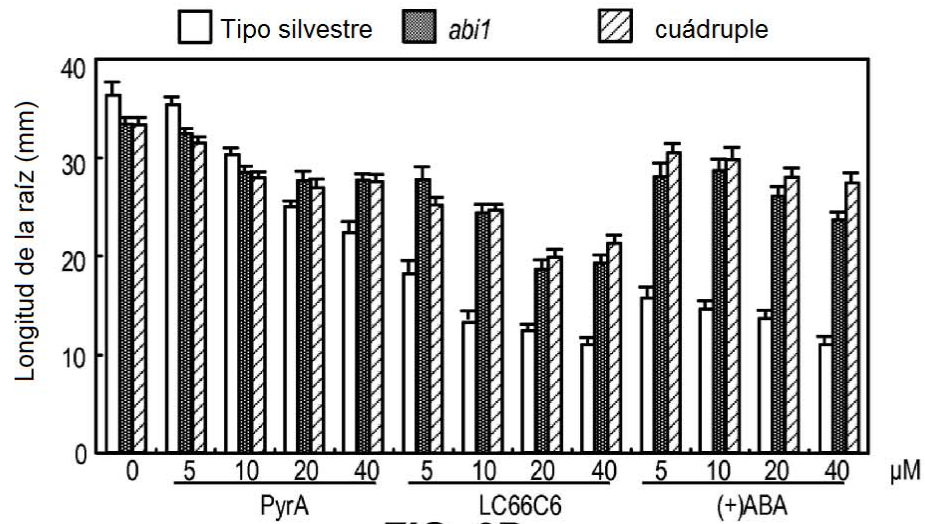
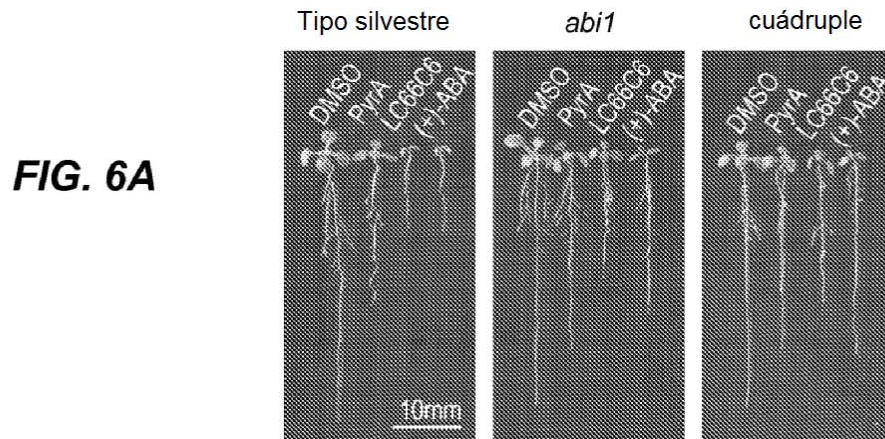
**FIG. 4A**

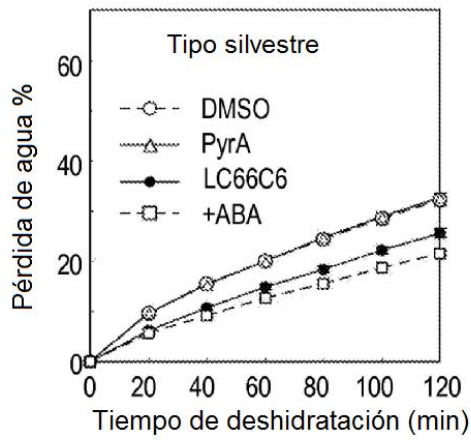
		ABA	Pirabactina	Quinabactina	
	PYR1	307	656	103	Dimérico
	PYL1	301	1197	250	
	PYL2	151	>10.000	267	
	PYL3	70	>10.000	724	
	PYL4	68	>10.000	>10000	
	PYL5	27	5174	649	Monomérico
	PYL6	29	>10.000	>10000	
	PYL11	64	>10.000	>10000	
	PYL12	nd	nd	nd	
	PYL7	nd	nd	nd	
	PYL9	60	>10.000	>10000	
	PYL8	57	>10.000	>10000	
	PYL10	121	1892	>10000	

**FIG. 4B**

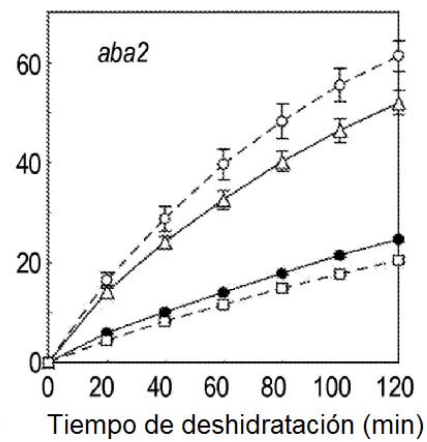




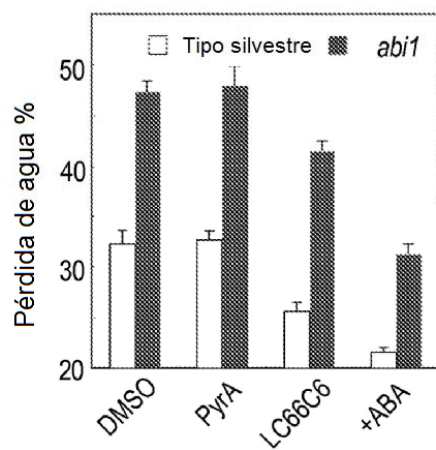




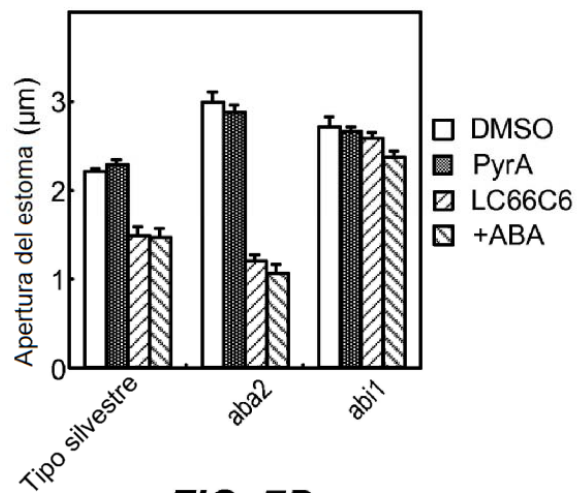
**FIG. 7A**



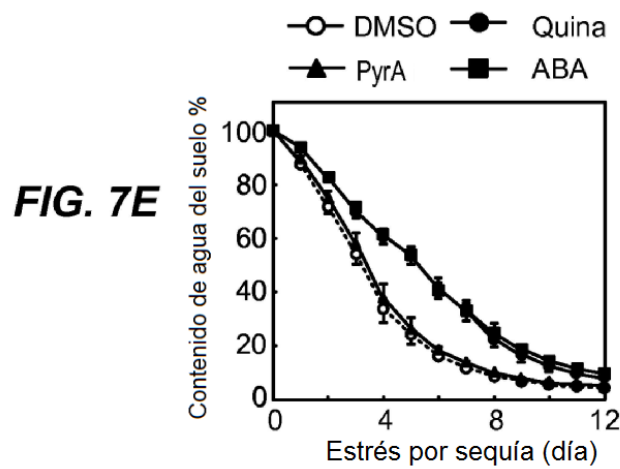
**FIG. 7B**

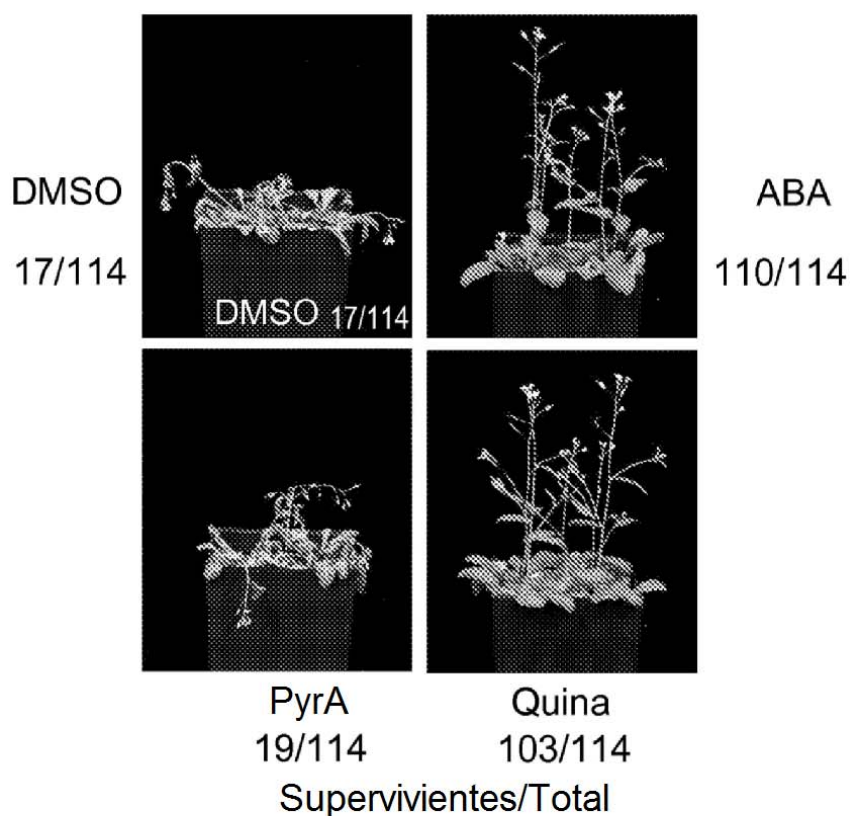


**FIG. 7C**

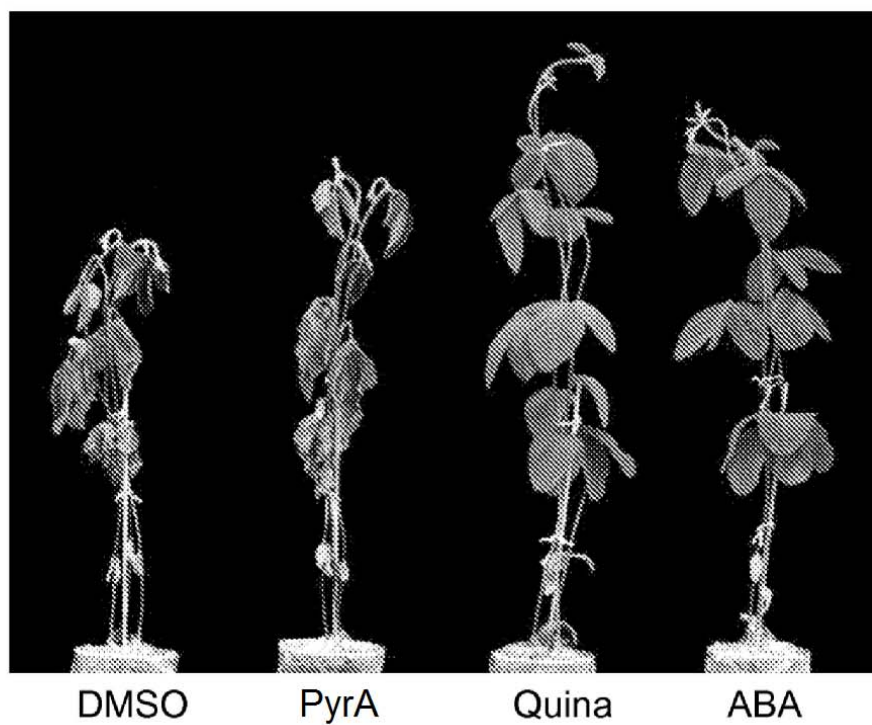


**FIG. 7D**





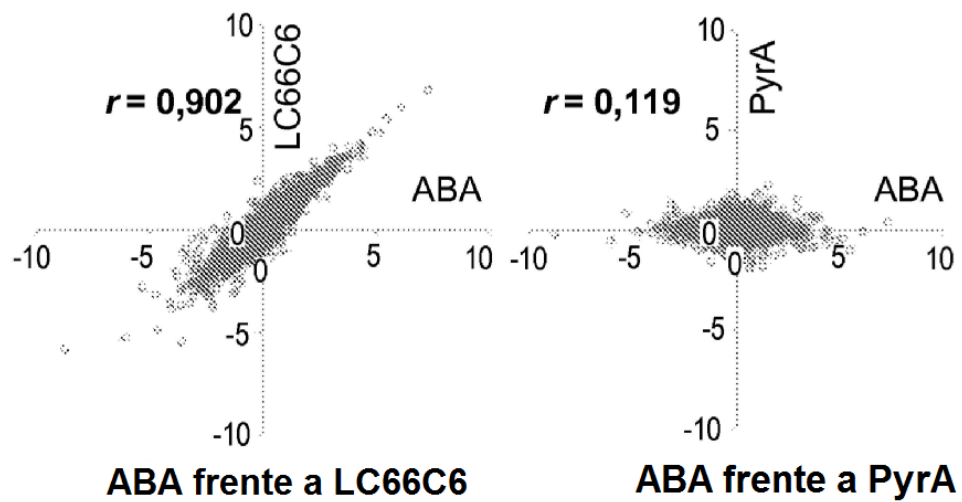
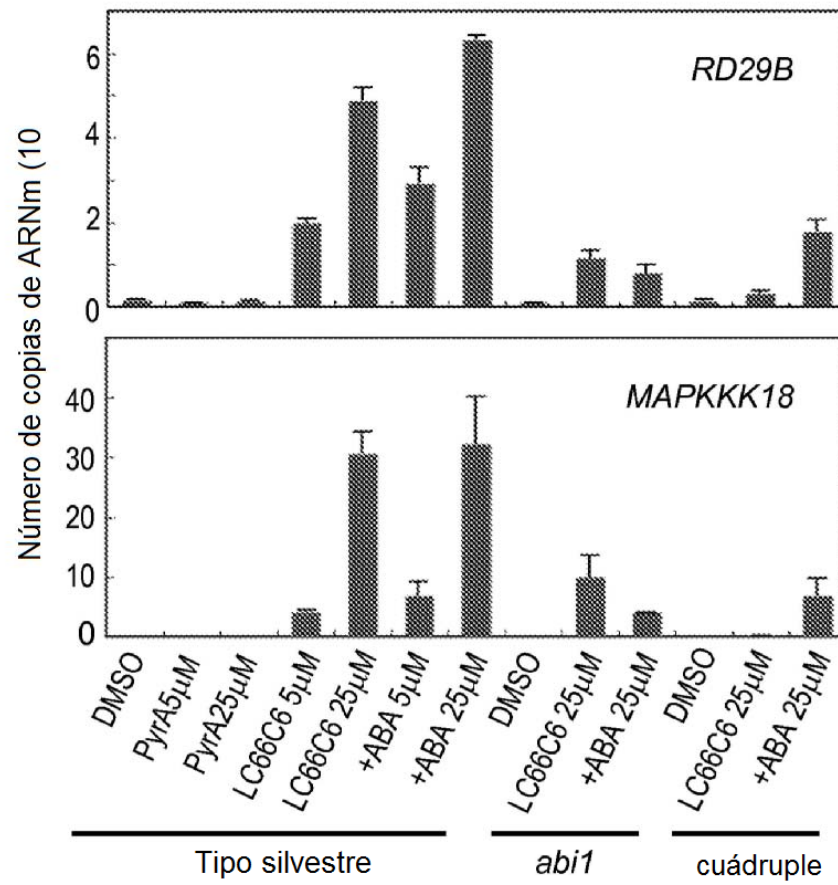
**FIG. 8A**



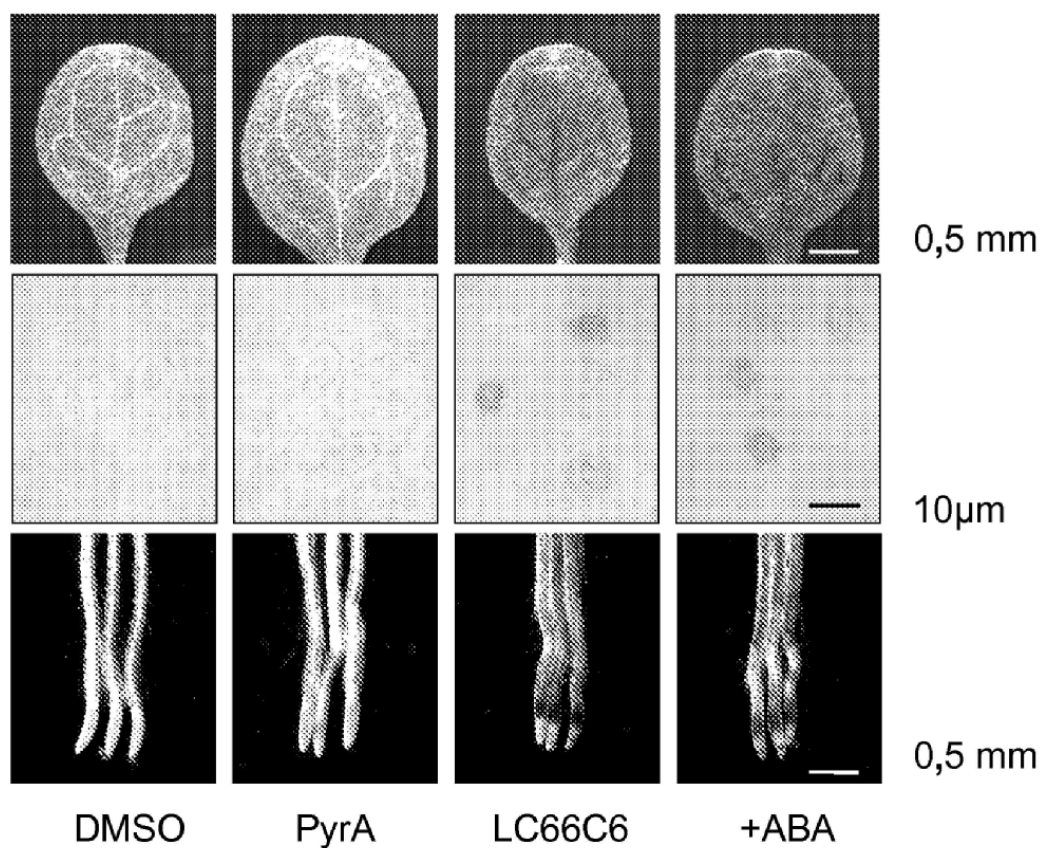
**FIG. 8B**



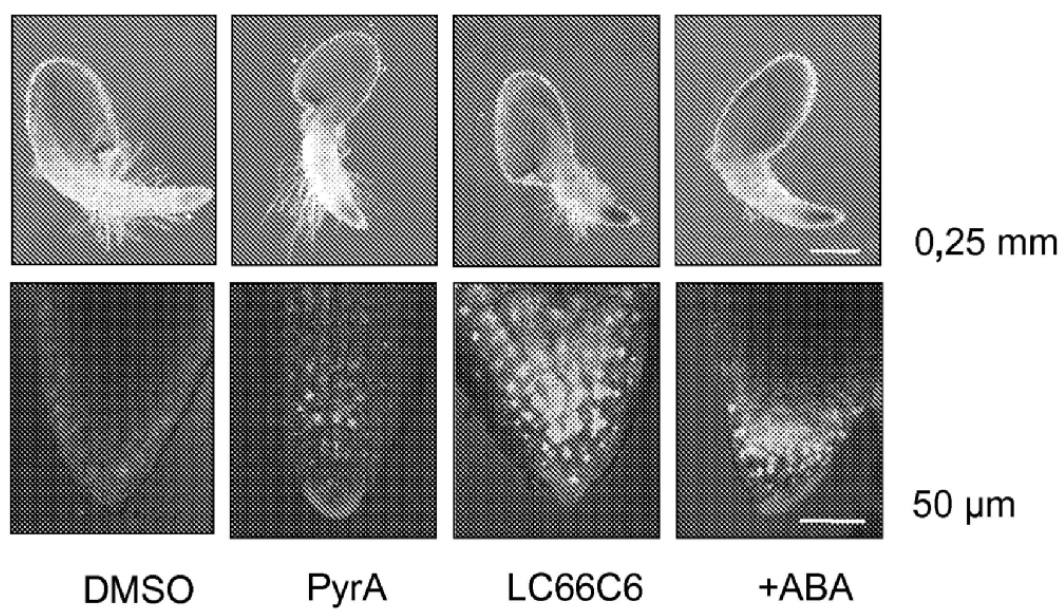
**FIG. 9A**



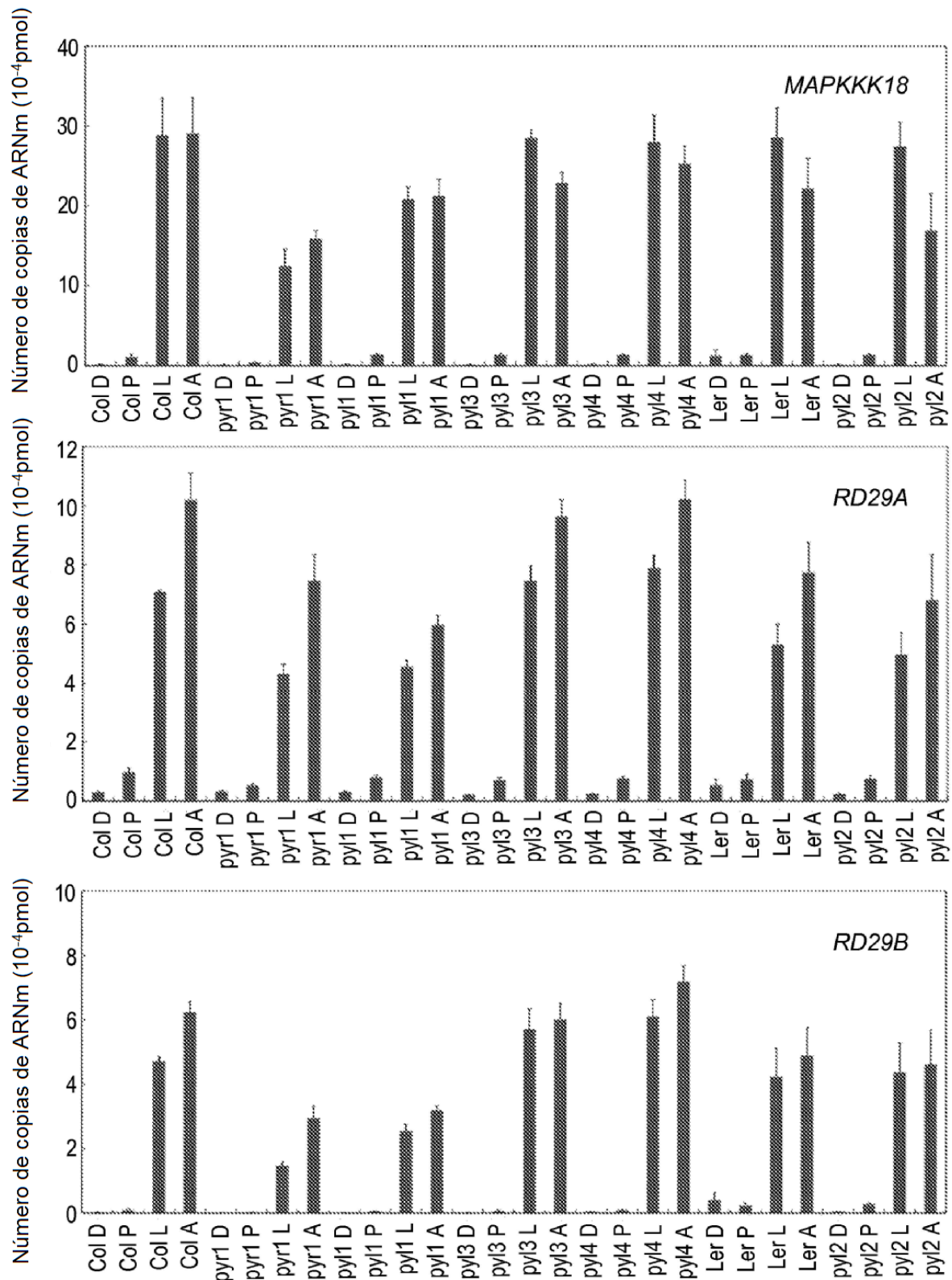
**FIG. 9B**



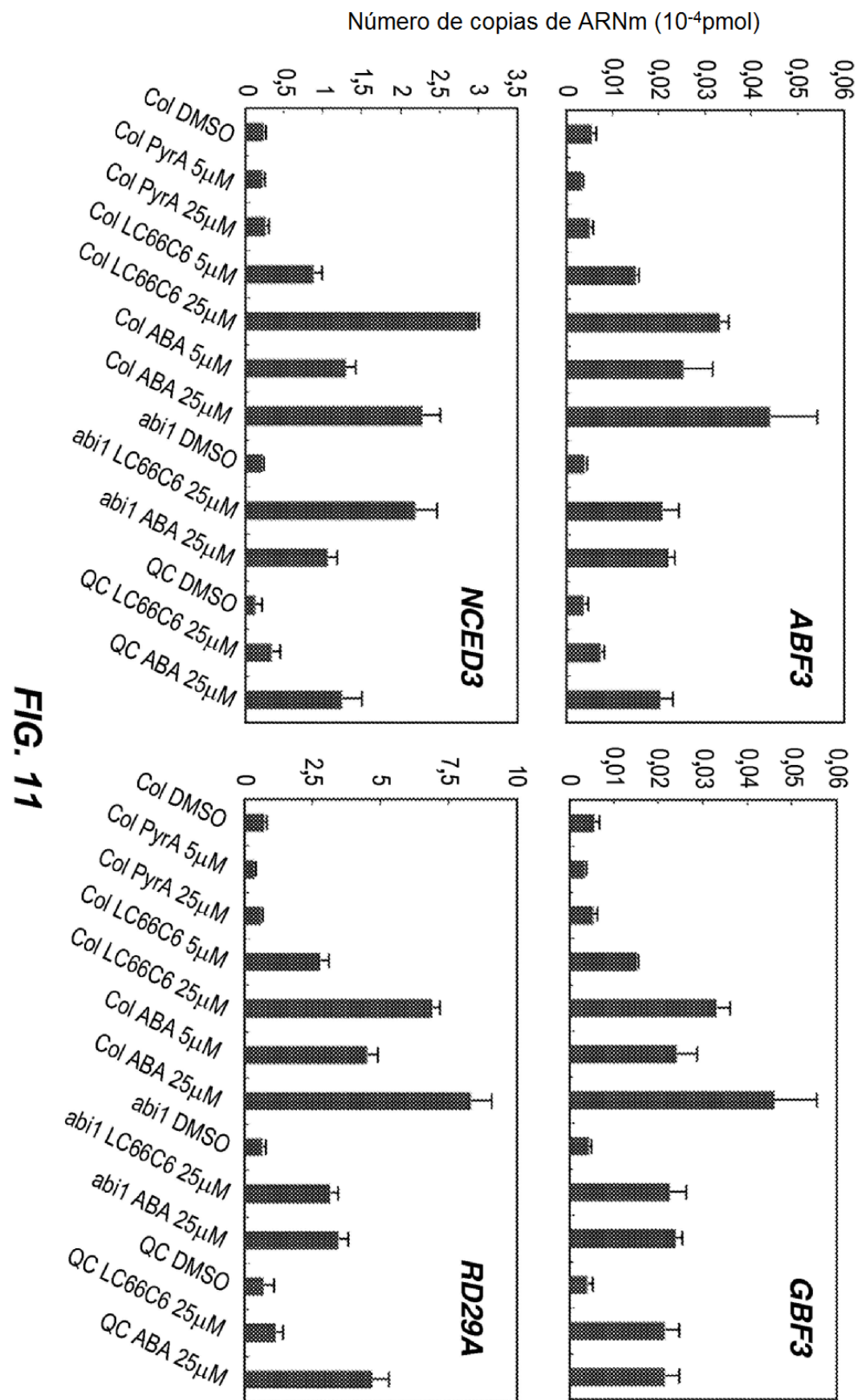
**FIG. 9C**



**FIG. 9D**

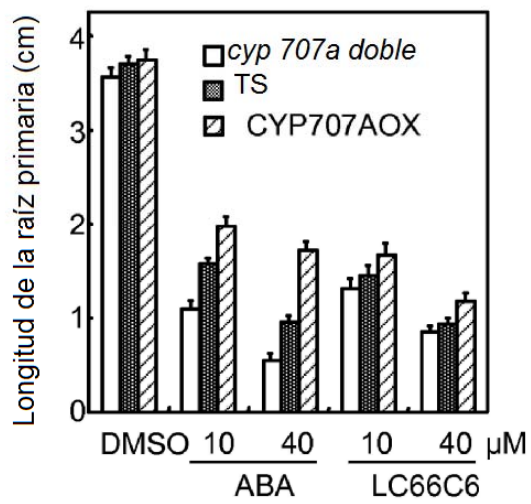
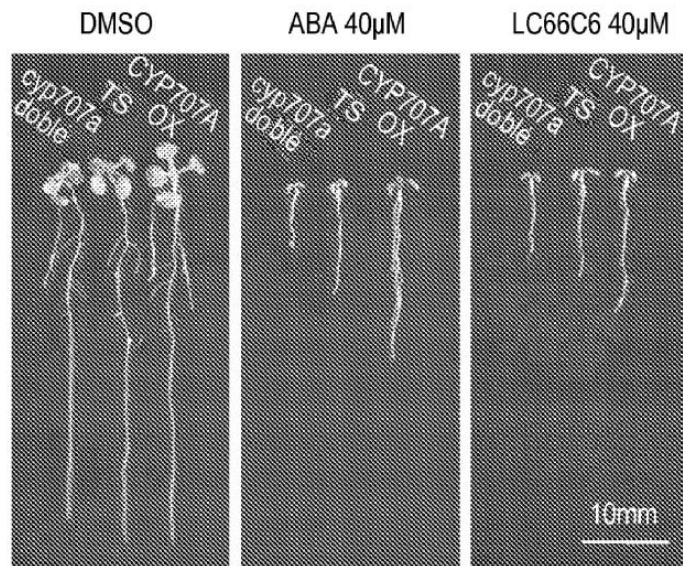


**FIG. 10**

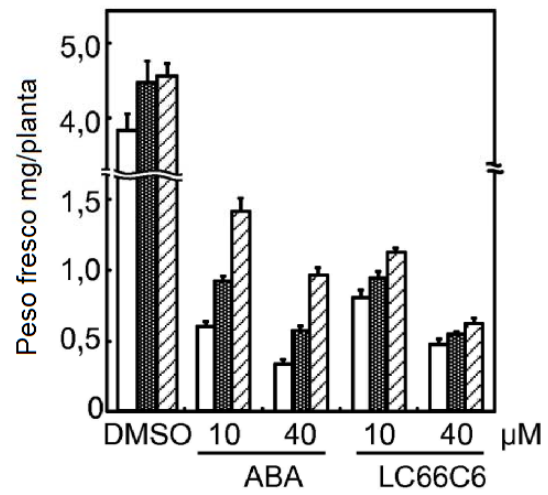




**FIG. 12A**

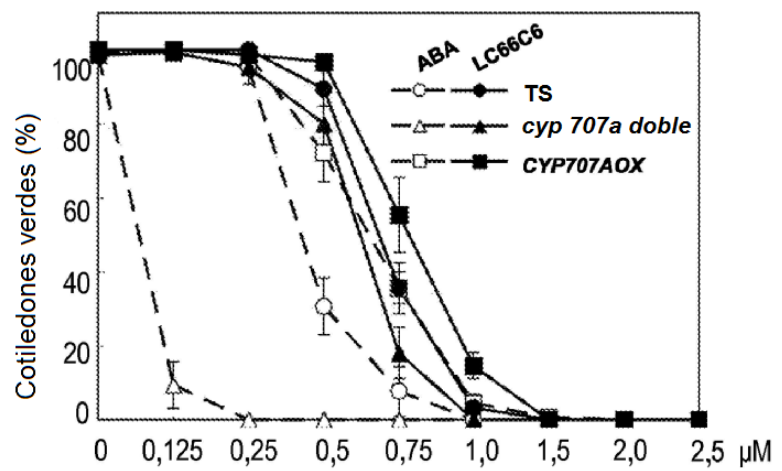


**FIG. 12B**

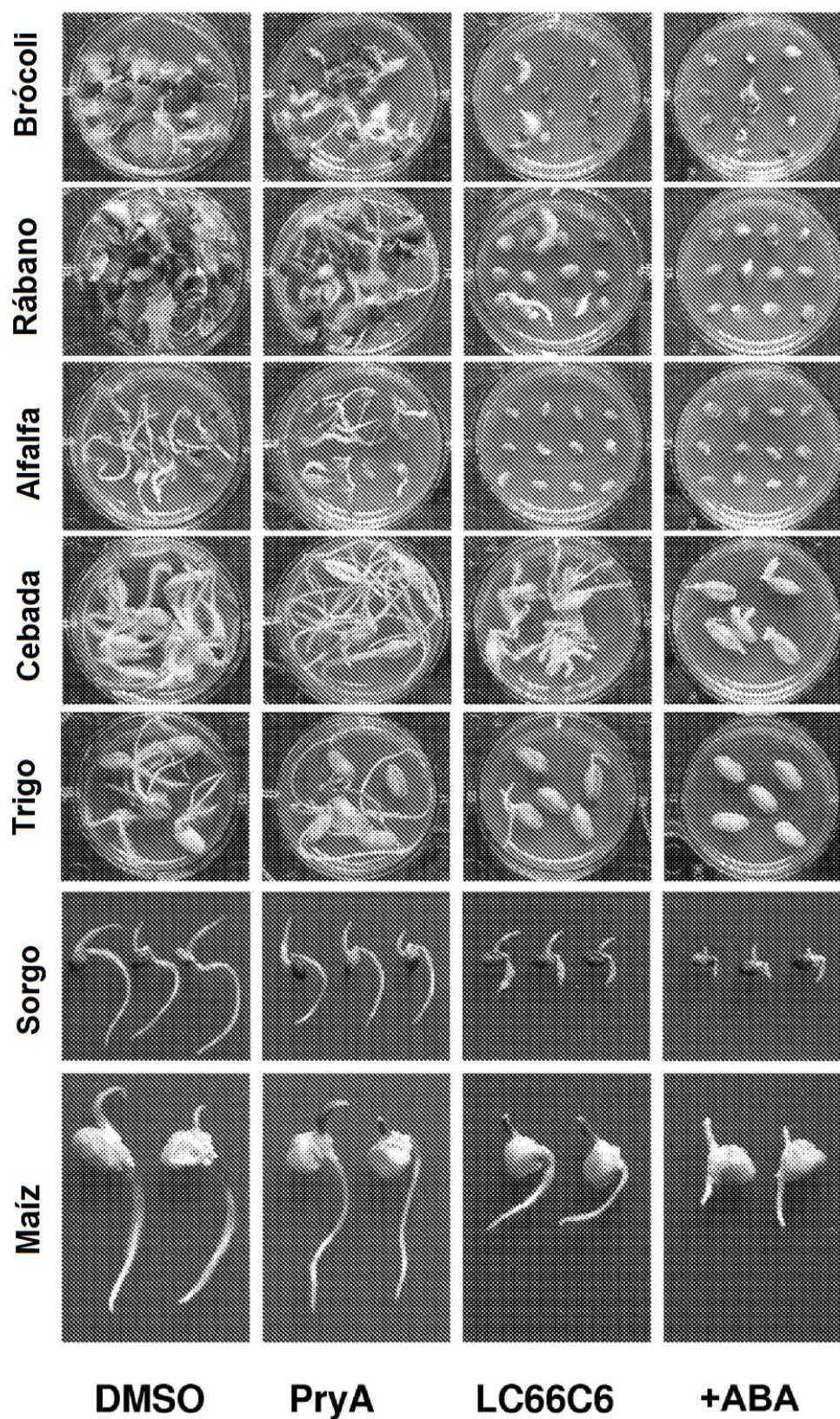


**FIG. 12C**

**FIG. 12D**

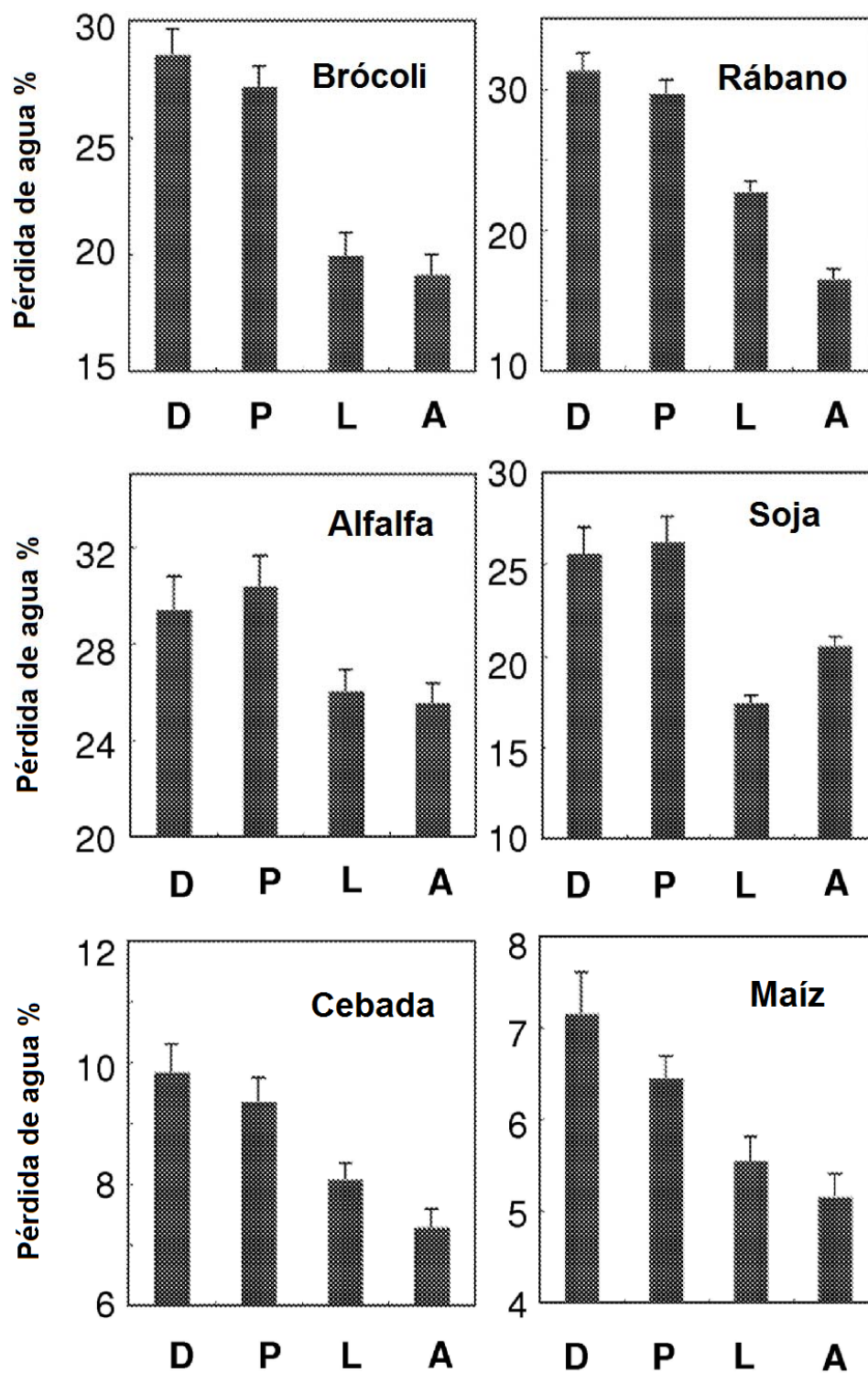






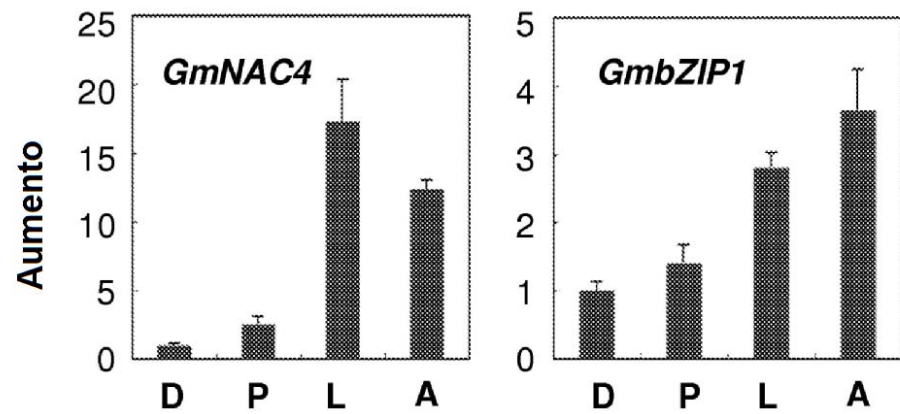
**FIG. 13A**



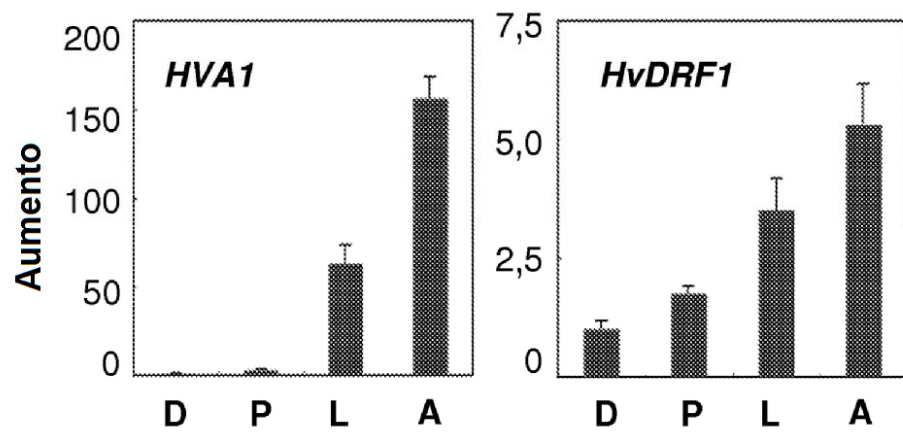


**FIG. 13B**

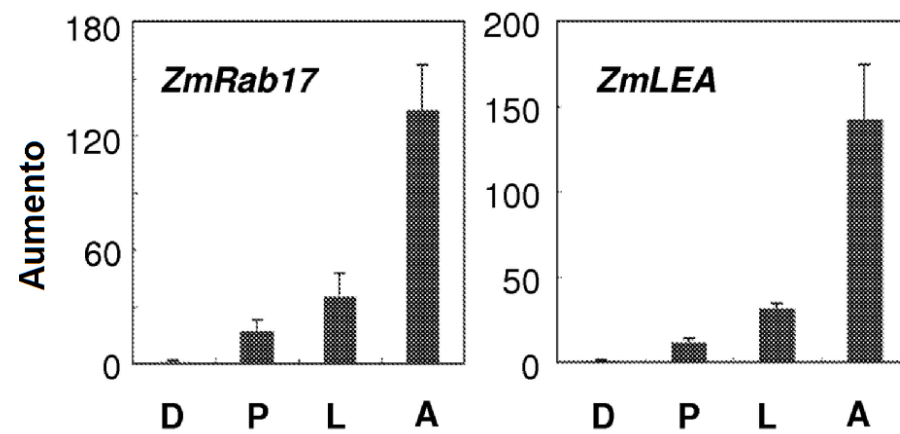
**FIG. 13C**



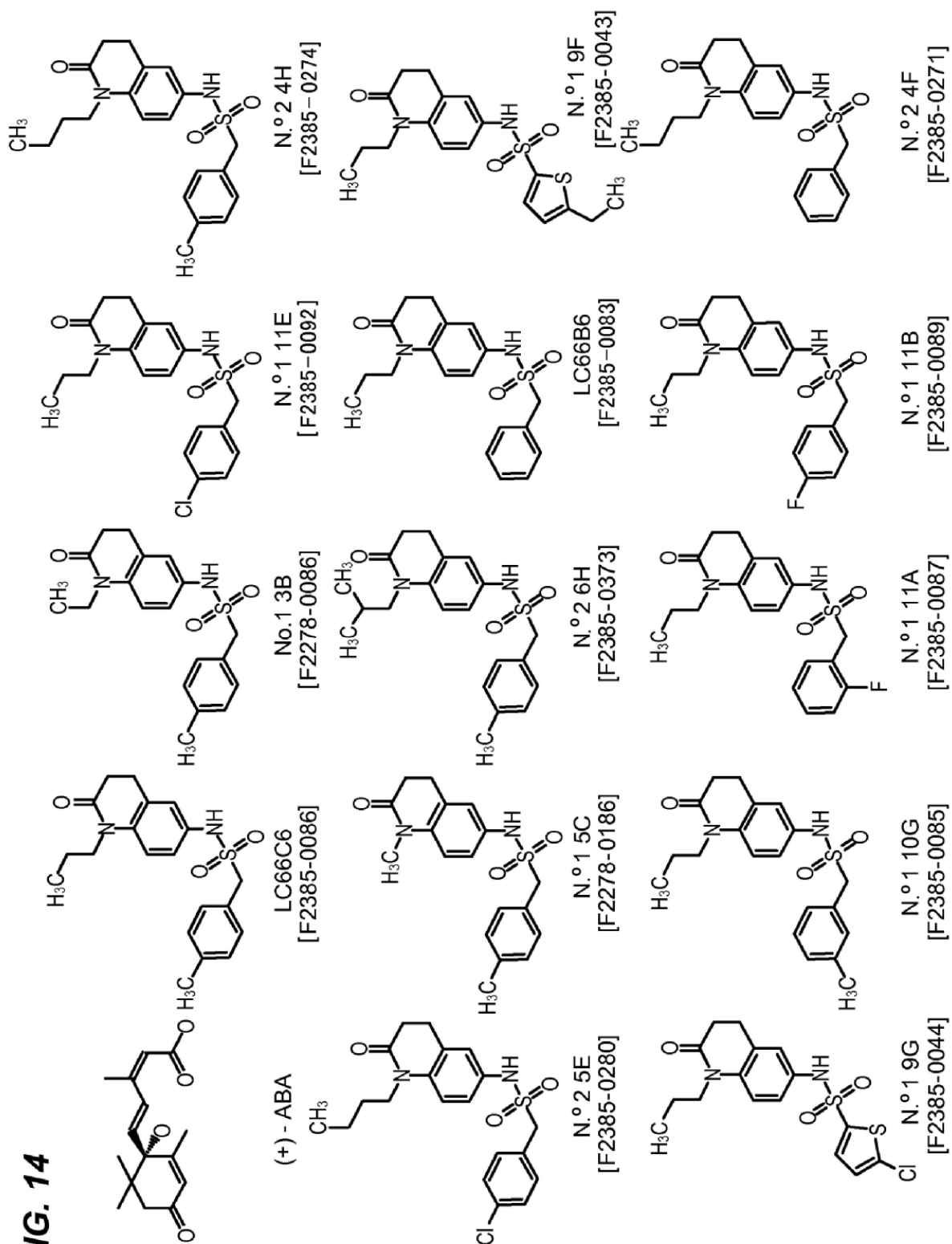
**FIG. 13D**

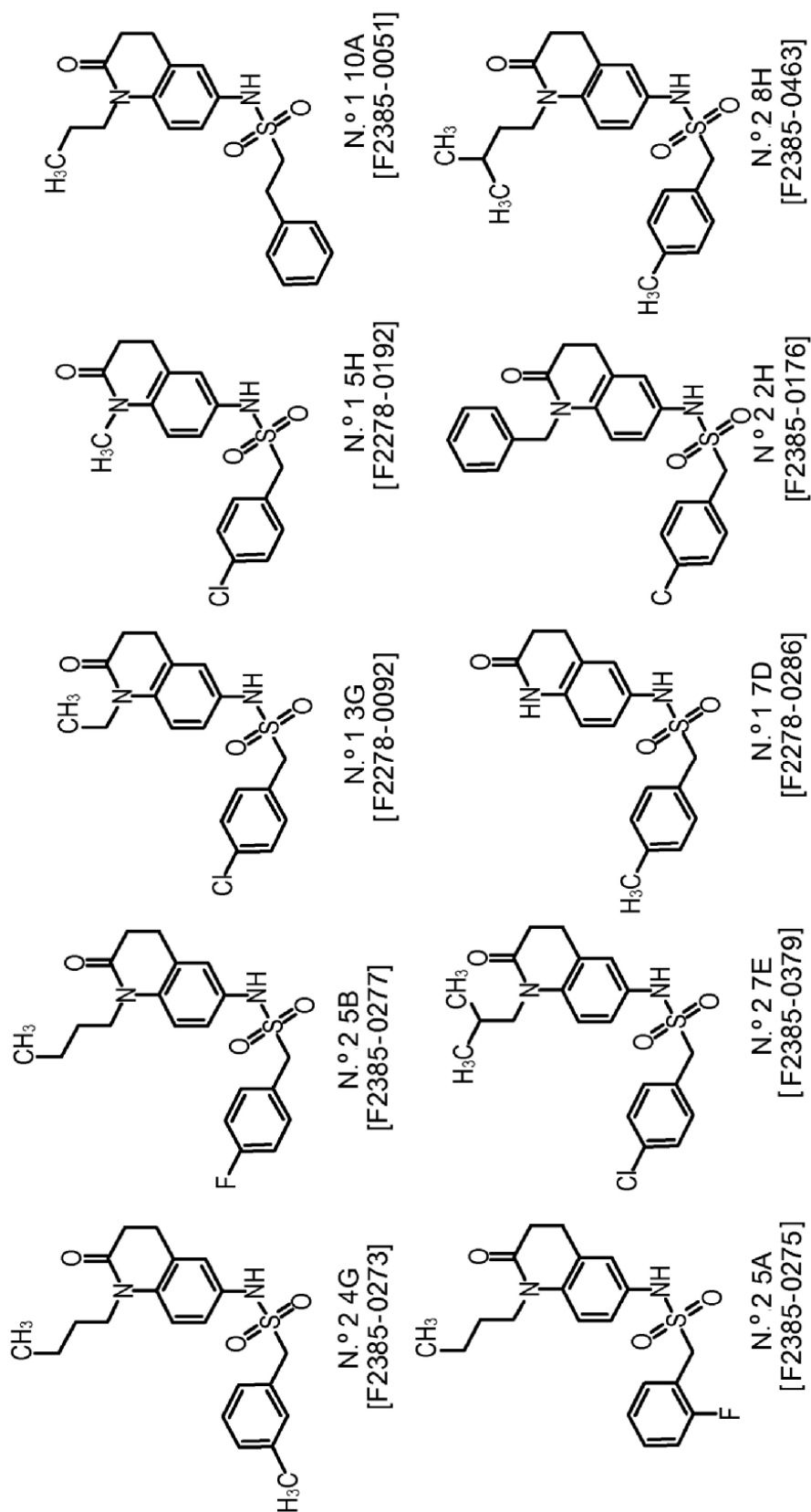


**FIG. 13E**

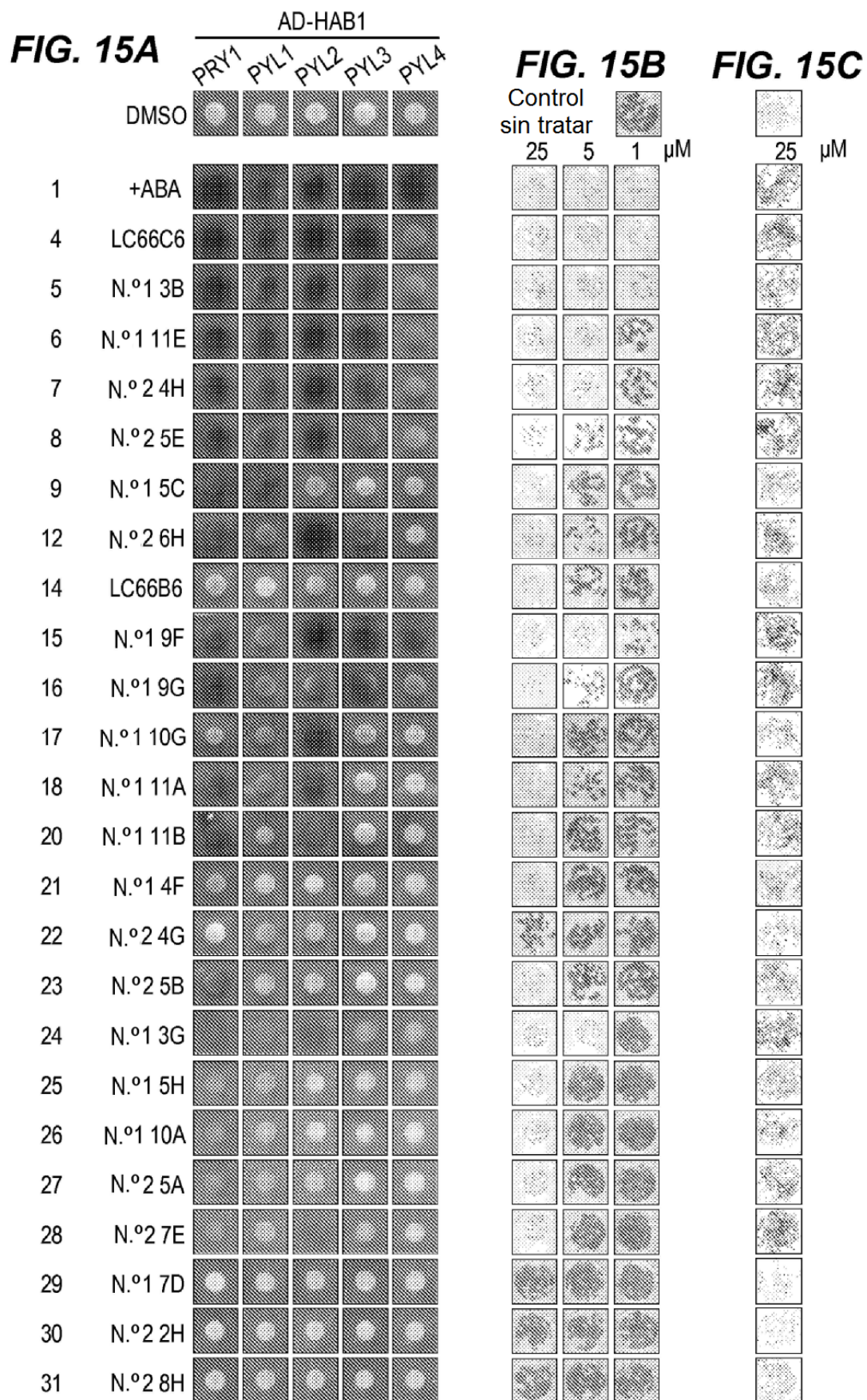




**FIG. 14**



**FIG. 14**  
(Continuación)





Tipo silvestre

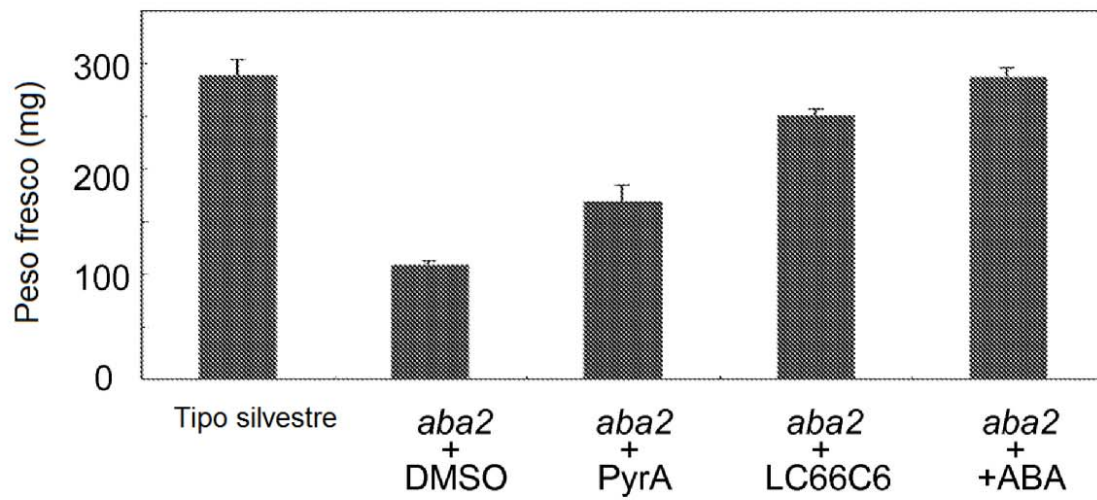
*aba2*  
+  
DMSO

*aba2*  
+  
PyrA

*aba2*  
+  
LC66C6

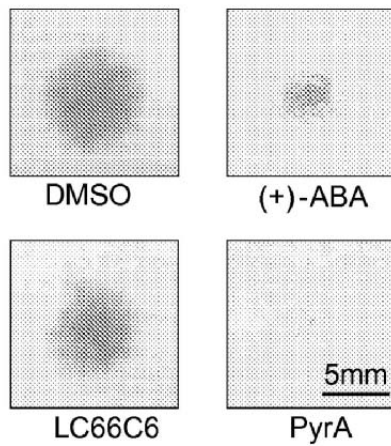
*aba2*  
+  
+ABA

**FIG. 16A**

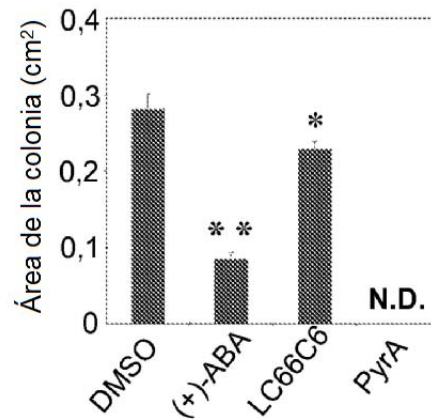


**FIG. 16B**

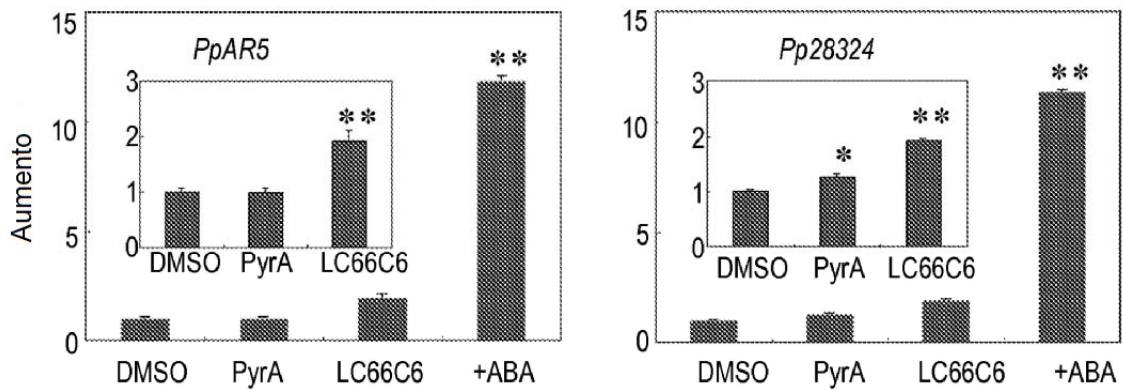




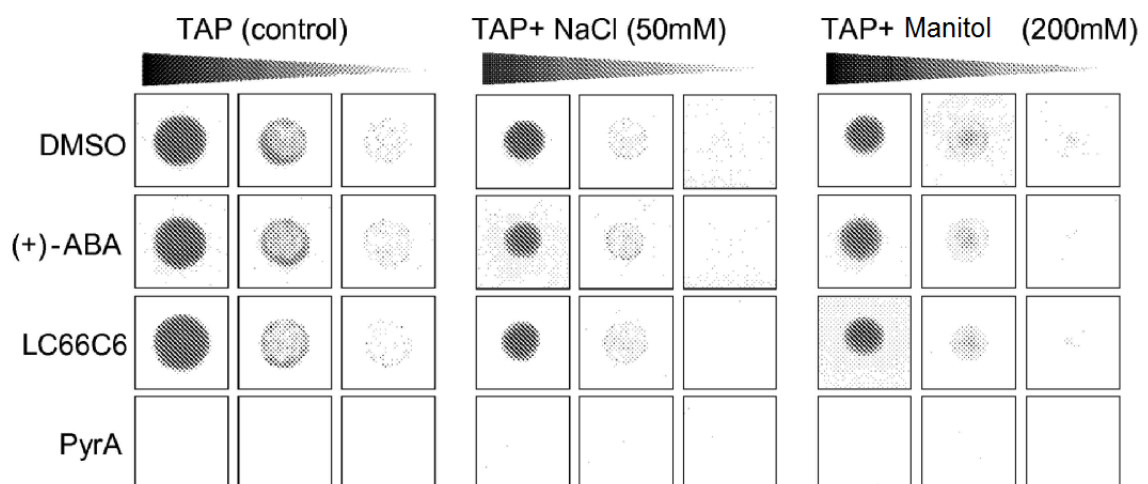
**FIG. 17A**



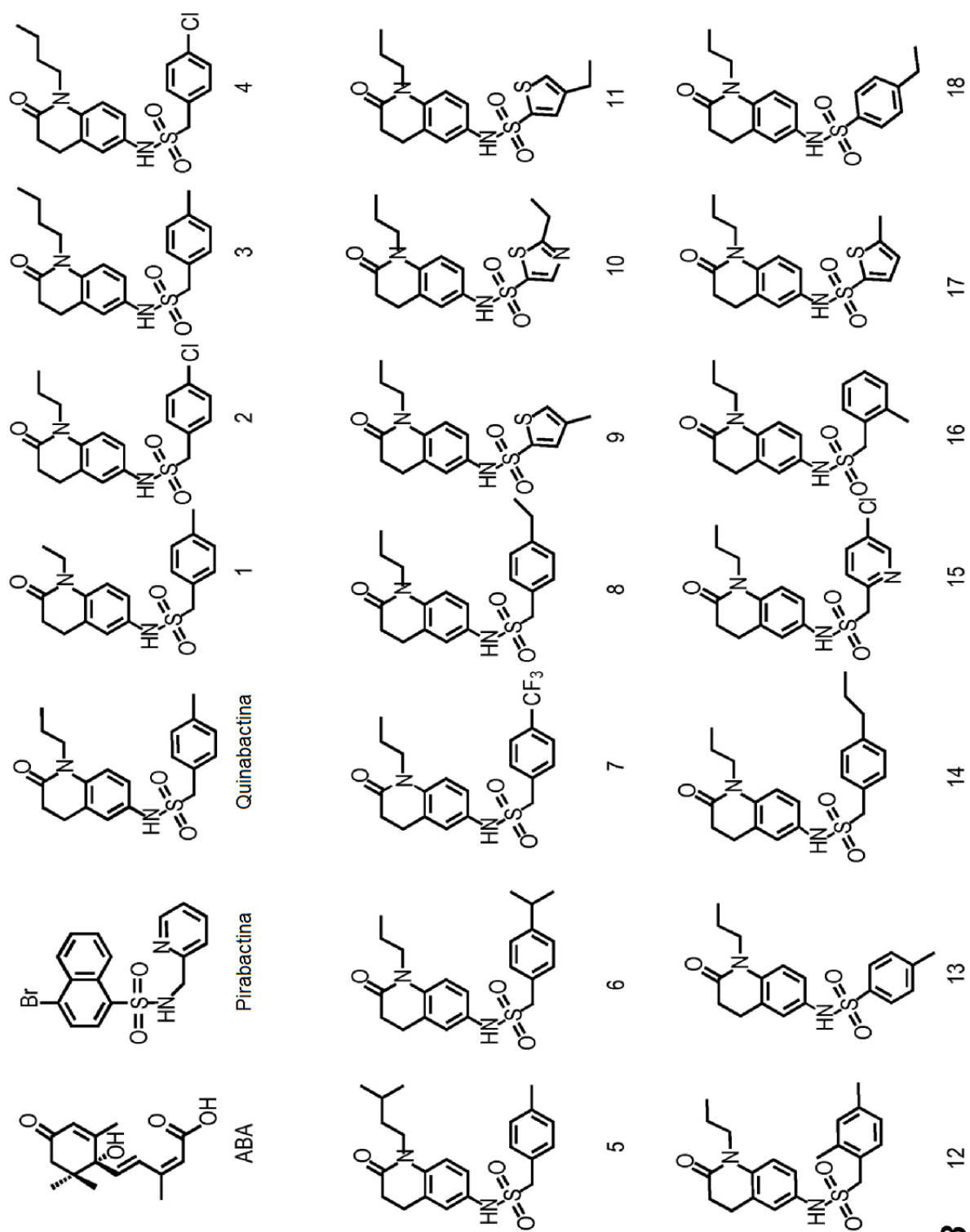
**FIG. 17B**



**FIG. 17C**



**FIG. 17D**

**FIG. 18**

Compuesto	Germinación	pMAKKK18::GUS
ABA	++++++	++++++
Pirabactina	++	nd
Quinabactina	+++++	++++
1	+++	nd
2	+++	nd
3	+++	nd
4	+	nd
5	-	nd
6	+++++	++++
7	+++++	+++
8	+++++	+++++
9	+++	++
10	-	+
11	+++	++
12	-	-
13	+	+
14	++++	+++
15	+++	+
16	-	-
17	+++	++
18	+++	+++

**FIG. 18**  
(Continuación)