

(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, Abscisic 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.

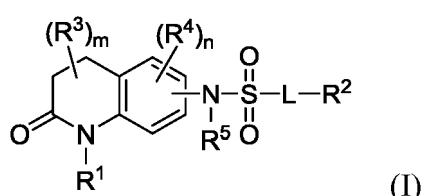
Recientemente se ha descubierto que el ABA provoca muchas de sus respuestas celulares al unirse a una familia de receptores solubles llamados proteínas PYR/PYL. Las proteínas PYR/PYL pertenecen a una gran familia de proteínas de unión a ligandos llamada la superfamilia START (Iyer *et al.*, 2001, Protens: Structure, Function, and Bioinformaticis, 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 sumario 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

55 R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, 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^{2a},
 60 cada R^{2a} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C₁₋₆, alcoxi C₁₋

6, haloalquilo C₁₋₆, haloalcoxi C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, -OH, alquilhidroxi C₁₋₆, -C(O)NR^{2b}R^{2c}, -NR^{2b}C(O)R^{2c} -SO₂R^{2b}, -SO₂OR^{2b}, -SO₂NR^{2b}R^{2c}-CN, -NO₂, -C(O)R^{2b}, -C(O)OR^{2b}, -OC(O)R^{2b}, y -NR^{2b}SO₂R^{2c}, cada uno de R^{2b} y R^{2c} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆, cada uno de R³, R⁴ y R⁵ se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆, L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alquíleno C₁₋₆, 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)SO₂LR² 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 nematicida, 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. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además un tensioactivo. En algunas realizaciones, la formulación agrícola comprende además un portador.

15 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.

20 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.

25 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.

30 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, la 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 μM 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 μM 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 IC₅₀ 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 IC₅₀ (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*, *ply2*, *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.

5

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.

15

Figura 16. La aplicación de LC66C6 puede rescatar los defectos de crecimiento observados en el mutante aba2 deficiente en ABA. La solución química (25 µM) 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.

20

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 µM 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 µM 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.

30

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 guion (-) indica que no hay actividad, y nd indica que no está determinado.

35

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.

55

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 ciclase 2 (PF10604), un dominio de policétido ciclase 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.

60

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

5 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)).

10 El algoritmo BLAST también realiza un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias (véase, por ejemplo, Karlin y Altschul, Proc. Nat'l. 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} .

15 "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 20 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 25 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 30 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.

35 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:

- 40 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
 45 6) Fenilalanina (F), Tirosina (Y), Triptófano (W).

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

50 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 55 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.

60 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 65 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 CO₂), 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

35 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 CO₂. 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 ciclaza 2 (PF10604), un dominio de policétido ciclaza 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,

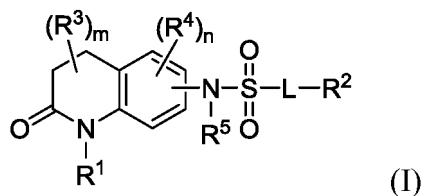
8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 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.

5

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 10 siguientes:

Un compuesto de Fórmula I:



15

en la que

R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo,

20 R² se selecciona de entre el grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R^{2a},

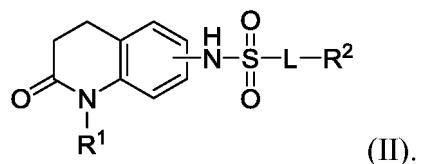
cada R^{2a} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C₁₋₆, alcoxi C₁₋₆, haloalquilo C₁₋₆, haloalcoxi C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, -OH, alquilhidroxi C₁₋₆, -CN, -NO₂, -C(O)R^{2b}, -C(O)OR^{2b}, -OC(O)R^{2b}, -C(O)NR^{2b}R^{2c}, -NR^{2b}C(O)R^{2c}, -SO₂R^{2b}, -SO₂OR^{2b}, -SO₂NR^{2b}R^{2c}, y -NR^{2b}SO₂R^{2c},

25 cada uno de R^{2b} y R^{2c} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆, cada uno de R³, R⁴ y R⁵ se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆, L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alquieno C₁₋₆, el subíndice m es un número entero de 0 a 4, el subíndice n es un número entero de 0 a 3,

30 o una sal o isómero del mismo;

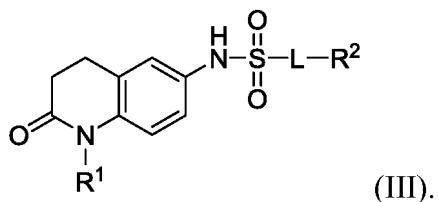
en la que la sulfonamida -N(R⁵)SO₂L-R² está en la posición 6.

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



35

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



40

En algunas realizaciones, R¹ es alquilo C₁₋₆ y R² se selecciona de entre el grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R^{2a}.

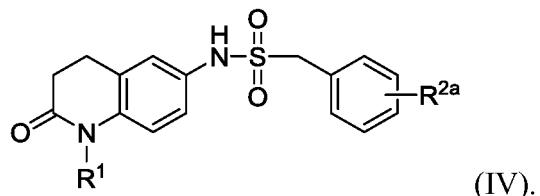
45 En algunas realizaciones, cada R^{2a} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno y alquilo C₁₋₆.

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

En algunas realizaciones, R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en metilo, etilo, propilo, isopropilo, butilo, isobutilo, 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^{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.

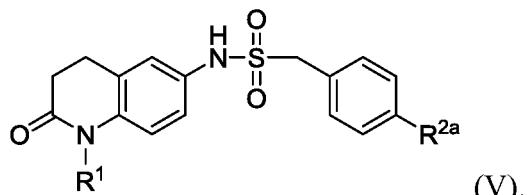
5

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



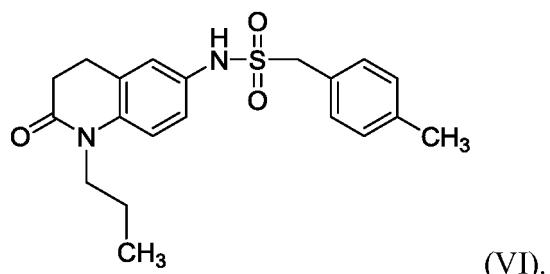
10

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



15 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):

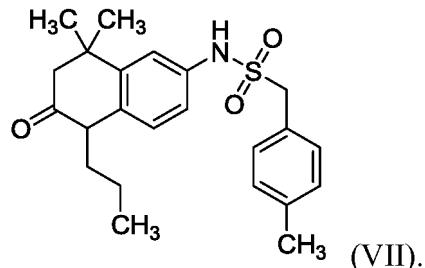


20

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).

25

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



30 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

35 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.
- 5 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.
- 10 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 nematicida, un activador de plantas, un sinergista, un protector de herbicidas, un regulador del crecimiento de la planta, un repelente de insectos o un fertilizante.
- 15 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), fenazamida (340), mefenacet (491), oxaziclomefona (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, 12^a 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.
- 20 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, proticonazol, flutriafol, difenoconazol, azoxistrobina, captano, ciproconazol, ciprodinilo, boscalid, diniconazol, epoxiconazol, fluoxastrobina, trifloxistrobina, metalaxilo, metalaxil-M (mefenoxam), fluquinconazol, fenarimol, nuarimol, pirifeno, piraclostrobina, tiabendazol, tebuconazol, triadimenol, benalaxilo, benalaxil-M, benomilo, carbendazima, carboxina, flutolanilo, fuberizadol, guazatina, miclobutanilo, tetriconazol, imazalilo, metconazol, bitertanol, cimoxanilo, ipconazol, iprodiona, procloraz, pencicurón, propamocarb, siltiofam, tiram, triazóxido, tetriconazol, tolifluanida, 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 nematicida seleccionado de entre el grupo que consiste en: tiometoxam, 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, 13^a edición, ed. CDC Tomlin, British Crop Protection Council, 2004-05. Los compuestos anteriores se describen, por ejemplo, en el documento US 8.124.565.
- 25 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); Proticonazol (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-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.
- 30 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 tiometoxam, 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 *Muscodorus*, *Tagetes* spp., *bacillus firmus*, incluida *bacillus firmus* CNCM 1-1582.
- 35
- 40
- 45
- 50
- 55
- 60
- 65

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 choi 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 divultan 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 μ 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 μ 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 divultan 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.

- 5 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 transcripto que codifica un polipéptido PYR/PYL.
- 10

1. Ensayos de unión a polipéptidos PYR/PYL

- 15 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.

20 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.

25

2. Actividad

- 30 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.
- 35 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.
- 40

45 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.

50

3. Ensayos de expresión

- 55 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 transcripto 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.
- 60

65 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

5 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.

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

15 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.

20 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.

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

30 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

35 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

50 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

60 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.
- 5 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.
- 10

Ejemplos

15 Ejemplo 1

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

20 Métodos

Detección química

25 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) (acerlando 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 %. Despues de la transferencia química, las placas se incubaron a 28 °C y los agonistas candidatos se evidenciaron mediante inspección manual.

30

35

40

45

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.

50

55

60 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.

65

Ensayo de actividad PP2C

Las proteínas HAB1 y PYL se expresaron y se purificaron como se describió anteriormente (Park SY, et al. (2009) Abscisic Acid Inhibits Type 2C Protein Phosphatases via the PYR/PYL Family of START Proteins. *Science* 324 (5930):

5 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 A₆₀₀ de ~0,5. El cultivo se enfrió luego en hielo y se añadió MnCl₂ a 4 mM e IPTG a 0,3 mM. Después de 16 h de incubación a 15 °C, las células se recolectaron y las 10 15 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 20 25 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 20 25 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 MnCl₂ 10 mM, 3 µg de albúmina de suero bovino y 2-mercaptoetanol al 0,1 % con ABA o agonista de ABA durante 30 minutos 25 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-metilumbelifero 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.

30 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 35 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 40 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 45 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.

50 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 IC₅₀ 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 55 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 IC₅₀ 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.

60 **Ejemplo 2**

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

65 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

- 5 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.

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 *pyr1pyl1pyl2pyl4* (Park SY, et al. (2009) Abscisic 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 *pyr1pyl1pyl2pyl4* 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.

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 IC_{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.

Ejemplo 3

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

Ensayos fisiológicos

- 55 Los ensayos fisiológicos se realizaron en plantas de *Arabidopsis* cultivadas a 22 ± 2 °C y humedad relativa (HR) 45 ± 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 trajeron 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.
- 60 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 trajeron 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 μ 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 5 cultivadas a 25 ± 2 °C, 65 ± 10 % de HR en ciclos de luz/oscuridad de 16/8 h. Se pulverizaron aproximadamente 20 ml de una solución química 50 μ 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 10 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 μ M que 15 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 20 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 25 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 30 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 35 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 μ M para *Arabidopsis* y 50 μ 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 ± 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 40 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.)

- 5 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 μ 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 Log₂ para calcular los coeficientes de correlación de Pearson entre las condiciones experimentales.

10 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 μ g de ARN total usando el kit de transcripción inversa QantiTec (Qiagen, EE. UU.). La RCP en tiempo real con Maxima® SYBR Green/Fluorescein qPCR Master Mix

- 20 (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>				
Código de un gen AGI	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso	
AT1G05100	MAPKKK 18	AAGCGGGCGGTGGAGAGAGA	GCTGTCATCTCCGTCGC	
AT5G52310	RD29A	TGAAGTGA[CGATGCACCAAG	GACACGACAGAAACACCTTTG	
A T5G52300	RD29B	TATGAATCCTCTGCCGTGAGAGT G	ACACCACTGAGATAATCCGATCCT	
AT4G34000	ABF3F	GTTGATGGGTGAGTGAGCACG	AACCCATTACTAGGCTGCCCCAAG	
AT2G46270	GBF3	GACGCCTTTGAGCATCGACACT	ACTGTTCCCTTCGCTCCCCGTTTC	
Control interno	ACT2	CTCATGAAAGATCCCTAACAG	CTTTCAAGGGGGTGCACGAC	
Soja	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso	
	GmNAC4	ACGTCAGTTCCGCAAAAGAT	GGACCCGTTGGTTCTCAC	
	GmbZIP1	GGGAATGGGAATTGGGTGAGAA	CCTTCTGCCAGGGCTAGCATG	
Control interno	Gm18S	CCTGGGGCTTAATTGACTCAAC	TAAGAACGGCCATGCCACCA	
Cebada	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso	
	HVA1	AACACGGCTGGGCATGGGAG	CGAACGACCAAAACGACTAAA	
	HvDRF1	CGGGGGGGCGGATTCGGAGC	ACGGAATTAGGGCCATCAGC	
Control interno	Hvtubulin2	TCCATGATGCCAAGTGTGA	GACATCCCCACGGTACATGAG	
Maíz	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso	
	ZmIEA	GCAGCAGGCAGGGAGAA	GCCGAGCAGGTTCATCATC	
	ZmRAB17	ATGAGTACGGTCAGCAGGGCAG	CTCCCCTCGCAGGGCTGGAACCTG	

<i>Arabidopsis</i>			
Código de un gen AGI	Abreviatura	Cebador directo	Cebador inverso
ZmUbi	TGC	TGCCGATGTGCCTGCCTGG	TGAAAGACAGAACATAATGAGCACAG
Control interno	TGC		

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

- 5 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 10 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.

- 15 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 20 concentraciones más altas en el tratamiento (Park et al., 2009).

- 25 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.

- 30 La 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.

- 35 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.

- 40 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 45 no indujo la expresión significativa de ningún gen analizado en las plantas de tipo silvestre.

45 Ejemplo 5

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

- 50 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 55 12A-D).

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

60 Ejemplo 6

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

- 65 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 µM 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*.

60 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

5 <150> Documento US 61/618.386
 <151> 30-03-2012

10 <160> 149

15 <170> FastSEQ para Windows versión 4.0

10 <210> 1

15 <211> 191

20 <212> PRT

15 <213> *Arabidopsis thaliana*

20 <220>

25 <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

20 <400> 1

Met	Pro	Ser	Glu	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Arg	Ser	Glu	Leu	Lys	Asn	Ser
1															15
Ile	Ala	Glu	Phe	His	Thr	Tyr	Gln	Leu	Asp	Pro	Gly	Ser	Cys	Ser	Ser
															30
Leu	His	Ala	Gln	Arg	Ile	His	Ala	Pro	Pro	Glu	Leu	Val	Trp	Ser	Ile
															45
Val	Arg	Arg	Phe	Asp	Lys	Pro	Gln	Thr	Tyr	Lys	His	Phe	Ile	Lys	Ser
															60
Cys	Ser	Val	Glu	Gln	Asn	Phe	Glu	Met	Arg	Val	Gly	Cys	Thr	Arg	Asp
															80
65															
Val	Ile	Val	Ile	Ser	Gly	Leu	Pro	Ala	Asn	Thr	Ser	Thr	Glu	Arg	Leu
															95
85															
Asp	Ile	Leu	Asp	Asp	Glu	Arg	Arg	Val	Thr	Gly	Phe	Ser	Ile	Ile	Gly
															110
100															
Gly	Glu	His	Arg	Leu	Thr	Asn	Tyr	Lys	Ser	Val	Thr	Thr	Val	His	Arg
															125
115															
Phe	Glu	Lys	Glu	Asn	Arg	Ile	Trp	Thr	Val	Val	Leu	Glu	Ser	Tyr	Val
															140
130															
Val	Asp	Met	Pro	Glu	Gly	Asn	Ser	Glu	Asp	Asp	Thr	Arg	Met	Phe	Ala
															160
145															
Asp	Thr	Val	Val	Lys	Leu	Asn	Leu	Gln	Lys	Leu	Ala	Thr	Val	Ala	Glu
															175
165															
Ala	Met	Ala	Arg	Asn	Ser	Gly	Asp	Gly	Ser	Gly	Ser	Gln	Val	Thr	
															190
180															

25 <210> 2

25 <211> 221

30 <212> PRT

25 <213> *Arabidopsis thaliana*

30 <220>

30 <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

35 <400> 2

Met Ala Asn Ser Glu 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 Ser Ser Gln Val Arg
 210 215 220

<210> 3

<211> 190

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<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

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

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

10 <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

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

15

<210> 5

<211> 207

<212> PRT

20 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

25 <223> receptor PYR/PYL del berro de thale, receptor del ácido abscísico PYL4, proteína 4 similar a PYR1 (PYL4), proteína de unión ABII 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

<210> 6

<211> 203

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

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 1, At5g05440, K18I23.25

<400> 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 ABII 5 (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

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

<210> 9

<211> 188

5 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

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

<400> 9

1	5	10	15
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		

15

<210> 10

<211> 187

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

<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 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
 5 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>

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

5 <212> PRT

<213> Brassica oleracea

<220>

10 <223> proteína de la familia Streptomyces ciclaza/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

15

<210> 16

<211> 281

<212> PRT

<213> Brassica oleracea

20

<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							

10 <210> 17

<211> 453

<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 GSVIVT00015766001, N.^º de acceso a GenBank CA063410.1

<400> 17

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

Phe Ser Ile Ile Gly Gly Glu His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val
 340 345 350
 Thr Thr Asn His Gly Gly Glu Ile Trp Thr Val Val Leu Glu Ser Tyr
 355 360 365
 Val Val Asp Met Pro Glu Gly Asn Thr Glu Glu Asp Thr Arg Leu Phe
 370 375 380
 Ala Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Lys Leu Ala Ser Val Thr
 385 390 395 400
 Glu Val Ser Gln Ser Cys Asn Tyr Pro Cys Gln Phe His Ile Ile Glu
 405 410 415
 Asn Glu Asp Ile Gln Pro Glu Glu Met Asn Leu Gly Val Leu Thr Thr
 420 425 430
 Ser Ile Glu Glu Gln Arg Lys Lys Lys Arg Val Val Ala Met Lys Asp
 435 440 445
 Gly Ser Thr Ser Ser
 450

<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

10 <220>
<221> VARIANTE <222> (193)...(193)
<223> Xaa = cualquier aminoácido

15 <400> 18

Met	Ala	Glu	Ala	Glu	Ser	Glu	Asp	Ser	Glu	Thr	Thr	Thr	Pro	Thr	Thr	
1										10						15
His	His	Leu	Thr	Ile	Pro	Pro	Gly	Leu	Thr	Gln	Pro	Glu	Phe	Gln	Glu	
										25						30
Leu	Ala	His	Ser	Ile	Ser	Glu	Phe	His	Thr	Tyr	Gln	Val	Gly	Pro	Gly	
										40						45
Gln	Cys	Ser	Ser	Leu	Leu	Ala	Gln	Arg	Val	His	Ala	Pro	Leu	Pro	Thr	
										55						60
Val	Trp	Ser	Val	Val	Arg	Arg	Phe	Asp	Lys	Pro	Gln	Thr	Tyr	Lys	His	
										65						80
Phe	Ile	Lys	Ser	Cys	His	Val	Glu	Asp	Gly	Phe	Glu	Met	Arg	Val	Gly	
										85						95
Cys	Leu	Arg	Asp	Val	Asn	Val	Ile	Ser	Gly	Leu	Pro	Ala	Glu	Thr	Ser	
										100						110
Thr	Glu	Arg	Leu	Asp	Ile	Leu	Asp	Asp	Glu	Arg	His	Val	Thr	Gly	Phe	
										115						125
Ser	Ile	Ile	Gly	Gly	Glu	His	Arg	Leu	Arg	Asn	Tyr	Arg	Ser	Val	Thr	
										130						140
Thr	Val	His	Glu	Tyr	Gln	Asn	His	Gly	Gly	Glu	Ile	Trp	Thr	Val	Val	
										145						160
Leu	Glu	Ser	Tyr	Val	Val	Asp	Met	Pro	Glu	Gly	Asn	Thr	Glu	Glu	Asp	
										165						175
Thr	Arg	Leu	Phe	Ala	Asp	Thr	Val	Val	Lys	Leu	Asn	Leu	Ser	Glu	Ala	
										180						190
Xaa	Arg	Arg														
										195						

20 <210> 19
<211> 217
<212> PRT
<213> *Medicago truncatula*

25 <220>
<223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFD_FE_FF_FG1G-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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <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

15

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
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		

5 <210> 21

<211> 212

<212> PRT

<213> Zea mays

10 <220>

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

100 <400> 21

Met Asp Gln Gln Gly Ala Gly Gly Asp Ala Glu Val Pro Ala Gly Leu	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
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
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	

15 <210> 22

<211> 212

<212> PRT

<213> Zea mays

20 <220>

<223> proteína de la familia de la ciclasa/deshidrata 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	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	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	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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <223> grupo japonica 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 índica 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

5 <212> PRT

<213> Zea mays

<220>

10 <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 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 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 Thr Gly Thr Val Val

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

<210> 27

<211> 215

5 <212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

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

15

<210> 28

<211> 213

<212> PRT

<213> *Nicotiana tabacum*

20

<220>

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

<400> 28

25

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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <223> grupo índice 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 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 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

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

<210> 32

<211> 207

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <223> grupo japonica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteina hipotetica Os06g0562200, proteina de la familia del alergeno Bet v I, N.º de acceso a GenBank NP_001057874.1

<400> 32

Met Glu Ala His Val Glu Arg Ala Leu Arg Glu Gly Leu Thr Glu Glu	15		
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 Asp Gly Ala Ser Val Gly Ser Val Arg Glu Val			
85	90	95	
Thr Val Val Ser Gly Leu Pro Ala Ser Thr Ser Thr Glu Arg Leu Glu			
100	105	110	
Met Leu Asp Asp Asp Arg His Ile Ile Ser Phe Arg Val Val Gly Gly			
115	120	125	
Gln His Arg Leu Arg Asn Tyr Arg Ser Val Thr Ser Val Thr Glu Phe			
130	135	140	
Gln Pro Pro Ala Ala Gly Pro Gly Pro Ala Pro Pro Tyr Cys Val Val			
145	150	155	160
Val Glu Ser Tyr Val Val Asp Val Pro Asp Gly Asn Thr Ala Glu Asp			
165	170	175	
Thr Arg Met Phe Thr Asp Thr Val Val Lys Leu Asn Leu Gln Met Leu			
180	185	190	
Ala Ala Val Ala Glu Asp Ser Ser Ser Ala Ser Arg Arg Arg Asp			
195	200	205	

15

<210> 33

<211> 216

<212> PRT

<213> Oryza sativa

20

<220>

<223> grupo japonica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteina hipotetica Os05g0473000, proteina de la familia Streptomyces ciclase/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	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

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

5
 <220>
 <223> proteína de la familia de la ciclasa/deshidrata del maíz, clon 1678999, N.^o de acceso a GenBank
 10 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

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	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

5 <212> PRT
<213> *Oryza sativa*

<220>

10 <223> grupo índica 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 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
 5 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

<220>
 <223> grupo japonica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética Os03g0297600, proteína de la
 10 familia Streptomyces ciclase/deshidrata, 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 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 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

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

<210> 40

<211> 212

5 <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

10

<400> 40

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

15

<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

```

10 <210> 42

<211> 194

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

15 <220>

<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 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 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

5 <212> PRT

<213> *Vitis vinifera*

<220>

10 <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 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*

5

<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

10

<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	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			80	
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	His	Arg	Ieu	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			160	
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							

15

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

20

<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

25

<400> 45

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

 180 185 190
 Ser Ser Leu
 195

<210> 46

<211> 172

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 VTTISV_004947, N.^o de acceso a GenBank CAN72620.1

<400> 46

Met Gly Asn Leu Tyr His Thr His His Leu Leu Pro Asn Gln Cys Ser
 1 5 10 15
 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 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	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									

15

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

20

<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 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 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

<210> 53

<211> 186

5 <212> PRT

<213> Capsicum annuum

<220>

<223> variedad cultivada de pimienta hanbyul, proteína CAPIP1, N.^o de acceso a GenBank AAT35532.1

10

<400> 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									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									65			70			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			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 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

ES 2 709 025 T3

<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 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

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_004915, N.^o de acceso a GenBank CAN82501.1

<400> 59

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
 5 <212> PRT
 <213> *Arachis hypogaea*

<220>
 10 <223> proteína inducida por la patogénesis del cacahuete (PIP), N.º de acceso a GenBank ACG76109.1

<220>
 <221> VARIANTE
 <222> (162)...(162)
 15 <223> Xaa = cualquier aminoácido

<400> 60

Met Met Asn Gly Ser Cys 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>

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

10

<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 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> 62

<211> 217

<212> PRT

<213> Zea mays

<220>

<223> cepa del maíz B73, proteína desconocida, clon ZM_BFb0036A01, N.^o de acceso a GenBank ACF80077.1

10

<400> 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 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

5

10

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 índice 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

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	95
Ile Ala 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
Thr Leu Val Val Glu Ser Phe Val Val Asp Ile Pro Glu Gly Asn Thr		160
165	170	175
Lys Asp Asp Ile Cys Tyr Phe Ile Glu Asn Ile Leu Arg Cys Asn Leu		
180	185	190
Met Thr Leu Ala Asp Val Ser Glu Glu Arg Leu Ala Asn Pro		
195	200	205

<210> 65

<211> 205

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética OsJ_06125, N.º de acceso a GenBank EAZ22456.1

<400> 65

1	5	10	15
Met Val Glu Val Gly Gly Ala Ala Glu Ala Ala Ala Gly Arg Arg			
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 Cys Gln Gly Pro Asn Arg Ala Pro Ser Thr Arg			
195	200	205	

15

<210> 66

<211> 204

ES 2 709 025 T3

<212> PRT
<213> *Oryza sativa*

5 <220>
<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 Ala 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
<213> *Medicago truncatula*

15 <220>
<223> proteína desconocida médica de barril, clon MTYFP_FQ_FR_FS1G-G-11, N.^º de acceso a GenBank ACJ86004.1

20

<400> 67

Met	Glu	Lys	Met	Asn	Gly	Thr	Glu	Asn	Asn	Gly	Val	Phe	Asn	Ser	Thr
1							5								15
Glu	Met	Glu	Tyr	Ile	Arg	Arg	His	His	Asn	Gln	Gln	Pro	Gly	Glu	Asn
							20								30
Gln	Cys	Ser	Ser	Ala	Leu	Val	Lys	His	Ile	Arg	Ala	Pro	Val	Pro	Leu
							35								45
Val	Trp	Ser	Leu	Val	Arg	Arg	Phe	Asp	Gln	Pro	Gln	Lys	Tyr	Lys	Pro
							50								60
Phe	Val	Ser	Arg	Cys	Val	Val	Arg	Gly	Asn	Leu	Glu	Ile	Gly	Ser	Leu
							65								80
Arg	Glu	Val	Asp	Val	Lys	Ser	Gly	Leu	Pro	Ala	Thr	Thr	Ser	Thr	Glu
							85								95
Arg	Leu	Glu	Val	Leu	Asp	Asp	Asn	Glu	His	Ile	Leu	Ser	Ile	Arg	Ile
							100								110
Ile	Gly	Gly	Asp	His	Arg	Leu	Arg	Asn	Tyr	Ser	Ser	Ile	Met	Ser	Leu
							115								125
His	Pro	Glu	Ile	Ile	Asp	Gly	Arg	Pro	Gly	Thr	Leu	Val	Ile	Glu	Ser
							130								140
Phe	Val	Val	Asp	Val	Pro	Glu	Gly	Asn	Thr	Lys	Asp	Glu	Thr	Cys	Tyr
145							150								160
Phe	Val	Glu	Ala	Leu	Ile	Lys	Cys	Asn	Leu	Lys	Ser	Leu	Ser	Asp	Val
							165								175
Ser	Glu	Gly	His	Ala	Val	Gln	Asp	Leu	Thr	Glu	Pro	Leu	Asp	Arg	Val
							180								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>

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

10

<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

35	40	45
Ala Pro Val His Leu Val Trp Gln Leu Val Arg Arg 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
Leu Glu Val Gly Ser Leu Arg Asp Val Asn Val Lys Thr Gly Leu Pro		80
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 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
Lys Asp Glu Thr Cys Tyr Phe Val Glu Ala Val Ile Lys Cys Asn Leu		160
165	170	175
Asn Ser Leu Ala Glu Val Ser Glu Gln Leu Ala Val Glu Ser Pro Thr		
180	185	190
Ser Leu Ile Asp Gln		
195		

<210> 70

<211> 197

5 <212> PRT

<213> Zea mays

<220>

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

10

<400> 70

1	5	10	15
Met Val Gly Leu Val Gly Gly Ser Thr Ala Arg Ala Glu His Val Val			
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			
35	40	45	
Ala Pro Val His Leu Val Trp Glu Leu Val Arg Arg 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 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	
Asn Ser Leu Ala Glu Val Ser Glu Gln Leu Ala Val Glu Ser Pro Thr			
180	185	190	
Ser Leu Ile Asp Gln			
195			

15

<210> 71

<211> 212

ES 2 709 025 T3

<212> PRT
<213> Zea mays

5 <220>
<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
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
<213> Oryza sativa

15 <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	Gly	Lys	Leu	Pro	
1				5					10				15		
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

5 <212> PRT

<213> Zea mays

<220>

10 <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 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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <223> grupo índica 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

15

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		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
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

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<220>

<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 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 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 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

195

200

205

Gln

<210> 76

<211> 180

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <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 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 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 índica de arroz, variedad cultivada 93-11, proteína hipotética, etiqueta de locus OsI_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>
<223> grupo japónica de arroz, variedad cultivada Nipponbare, proteína hipotética, etiqueta de locus OsJ_10498, N.º de acceso a GenBank EAZ26598.1

20 <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
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
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

5 <212> PRT

<213> *Rheum australe*

<220>

10 <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 Ser Glu Glu Glu Phe Val Lys Arg		
1	5	10
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
Ser Gly Leu Pro Ala Thr Thr Ser Met Glu Glu Leu Glu 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
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	Ala	Val	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	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						

15

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

20

<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 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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

10 <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

15

<210> 84

<211> 206

<212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

5 <220>
 <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	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
 <213> *Vitis vinifera*

15 <220>
 <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

5 <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

5 <212> PRT

<213> Oryza sativa

<220>

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

10 <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 Leu Asp 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

5 <212> PRT

<213> Zea mays

<220>

10 <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 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

15

<210> 89

<211> 239

<212> PRT

20 <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

25

<400> 89

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

5
 <220>
 <223> proteína GRMZM2G154987_P01 del maíz
 10
 <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

5
 <220>
 <223> proteína GRMZM2G134731_P01 del maíz
 10
 <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 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 Ala Pro Pro Pro Pro Ser Glu
 195 200 205

<210> 92
 <211> 220
 5 <212> PRT
 <213> Zea mays

<220>
 10 <223> proteína GRMZM2G144224_P01 del maíz
 <400> 92

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

5

10

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

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<220>

<223> proteína Glyma01g12970.1 de la soja

10

<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 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

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<220>

<223> proteína Glyma01g31320.1 de la soja

10 <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 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		

15 <210> 96

<211> 208

<212> PRT
 <213> *Glycine max*

5 <220>
 <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

20 <400> 97

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

5 <210> 98
 <211> 172
 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

10 <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 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

15 <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

10 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<220>

<223> proteína Glyma07g06270.1 de la soja

15 <400> 100

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
 5 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

<220>
 <223> proteína Glyma07g19120.1 de la soja
 10 <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

20

<400> 103

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

<210> 104
 <211> 229
 5 <212> PRT
 <213> Glycine max

<220>
 <223> proteína Glyma11g35670.1 de la soja
 10 <400> 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 Ile 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

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<220>

<223> proteína Glyma13g08120.1 de la soja

10

<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

15

<210> 106

<211> 169

<212> PRT

<213> *Glycine max*

20

<220>

<223> proteína Glyma14g06100.1 de la soja

<400> 106

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
5 <212> PRT
<213> Glycine max

<220>
<223> proteína Glyma14g10730.1 de la soja
10 <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	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

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<220>

<223> proteína Glyma14g30260.1 de la soja

10 <400> 108

Met Asn Arg Ile Gly Asn Gly Gly Gly Gly Gly Leu Ser Asn
 1 5 10 15
 Val Glu Met Glu 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
 5 <212> PRT
 <213> *Glycine max*

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

10 <400> 109

Met Ala Ser Glu Thr 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 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						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 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

5

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

<400> 113

10

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	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*

15

<220>
<223> proteína Sb10g022200 del sorgo

20

<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 Gly Asn Arg Arg
 195 200

<210> 115
 <211> 204
 5 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

<220>
 <223> proteína Sb04g008040 del sorgo
 10 <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
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
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 Ser Asn Ser Ser Thr		
195	200	

<210> 116

<211> 258

5 <212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<223> proteína Sb01g028330 del sorgo

10

<400> 116

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

 225 230 235 240
 Ala Ala Ala Ala Ala Ser Phe Val Ser Val Val Pro Pro Pro Glu Pro
 245 250 255
 Glu Glu

<210> 117
 <211> 222
 5 <212> PRT
 <213> *Sorghum bicolor*

<220>
 <223> proteína Sb01g038150 del sorgo

10 <400> 117

Met Pro Cys Leu Gln Ala 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

5 <212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<223> proteína Sb04g009280 del sorgo

10 <400> 118

Met Val Glu Met Asp Gly Gly Val Gly Val Val 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

5 <212> PRT

<213> *Sorghum bicolor*

<220>

<223> proteína Sb09g023180 del sorgo

10

<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 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 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 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

15

<210> 120

<211> 20

<212> ADN
 <213> Secuencia artificial

5 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT1G05100 MAPKKK18
 <400> 120
 aagcggcgca tggagagaga 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
 <400> 123
 gacacgacag gaaacaccc tt 22

40 <210> 124
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

45 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52300 RD29B
 <400> 124
 tatgaatcct ctgccgtgag aggtg 25

50 <210> 125
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

55 <220>
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para *Arabidopsis* AT5G52300 RD29B
 <400> 125
 acaccactga gataatccga tcct 24

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

ctttcaggtg gtgcaacgac 20
 <210> 132
 <211> 20
 5 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para GmNAC4 de soja
 10 acgtcagttc cgcaaaagat 20
 <210> 132
 <211> 133
 <212> ADN
 15 <213> Secuencia artificial
 <220>
 20 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para GmNAC4 de soja
 <400> 133
 ggacctcgta 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
 ggaaatggga 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
 45 cttctgcca gggcttagcat g 21
 <210> 136
 <211> 23
 <212> ADN
 50 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Gm18S de soja
 <400> 136
 55 cctgcggctt aatttgactc aac 23
 <210> 137
 <211> 19
 60 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>

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

5 <400> 137
taagaacggc catgcacca 19

10 <210> 138
<211> 19
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

15 <220>
<223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para HVA1 de cebada

20 <400> 138
aacacgctgg gcatgggag 19

25 <210> 139
<211> 22
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

30 <220>
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para HVA1 de cebada

35 <400> 139
cgaacgacca aacacgacta aa 22

40 <210> 140
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

45 <220>
<223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para HvDRF1 de cebada

50 <400> 140
cgggcggcgc gattgcgagc 20

55 <210> 141
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

60 <220>
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para HvDRF1 de cebada

<400> 141
acggaattag ggccatcacg 20

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

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

<400> 142
tccatgtatgg ccaagtgtga 20

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

5 <220>
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno Hvtubulin2 de cebada
 <400> 143
 gacatcccc ca cggtacatga g 21
 <210> 144
 <211> 18
 <212> ADN
 10 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmIEA de maíz
 15 <400> 144
 gcagcaggca ggggagaa 18
 <210> 145
 <211> 19
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmIEA de maíz
 25 <400> 145
 gccgaggcgag ttcatcatc 19
 <210> 146
 <211> 23
 30 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> cebador directo de TR-RCP cuantitativa sintético para ZmRAB17 de maíz
 <400> 146
 atgagtacgg tcagcagggg cag 23
 <210> 147
 <211> 21
 40 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <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
 <400> 148
 tgccgatgtg cctgcgtcgt ctgggtc 27
 60 <210> 149
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

ES 2 709 025 T3

<220>

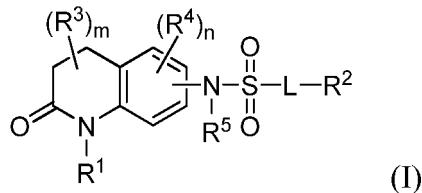
<223> cebador inverso de TR-RCP cuantitativa sintético para el control interno ZmUbi de maíz

<400> 149

5 tgaaagacag aacataatga gcacag 26

REIVINDICACIONES

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

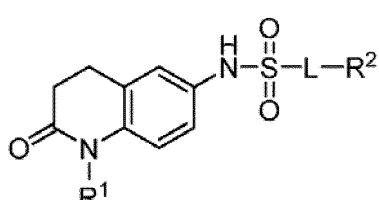


5

en la que:

- R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en H, alquilo C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo,
10 R² se selecciona de entre el grupo que consiste en cicloalquilo, heterocicloalquilo, arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R^{2a},
cada R^{2a} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno, alquilo C₁₋₆, alcoxi C₁₋₆, haloalquilo C₁₋₆, haloalcoxi C₁₋₆, alquenilo C₂₋₆, alquinilo C₂₋₆, -OH, alquilhidroxi C₁₋₆, -CN, -NO₂, -C(O)R^{2b}, -C(O)R^{2b}, -OC(O)R^{2b}, -C(O)NR^{2b}R^{2c}, -NR^{2b}C(O)R^{2c}, -SO₂R^{2b}, -SO₂OR^{2b}, -SO₂NR^{2b}R^{2c}, y -NR^{2b}SO₂R^{2c},
15 cada uno de R^{2b} y R^{2c} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆,
cada uno de R³, R⁴ y R⁵ se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H y alquilo C₁₋₆,
L es un enlazador seleccionado de entre el grupo que consiste en un enlace y alquieno C₁₋₆,
el subíndice m es un número entero de 0 a 4,
20 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)SO₂LR² está en la posición 6.

2. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto tiene la fórmula:
25



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

- 30 R¹ es alquilo C₁₋₆ y
R² se selecciona de entre el grupo que consiste en arilo y heteroarilo, cada uno opcionalmente sustituido con 1-4 grupos R^{2a}.

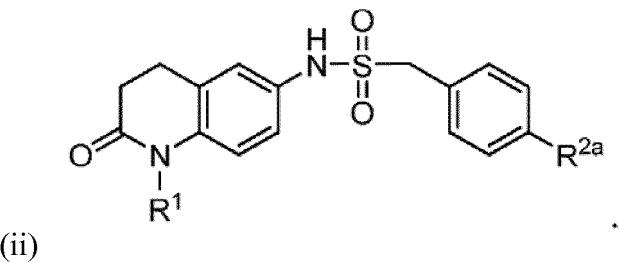
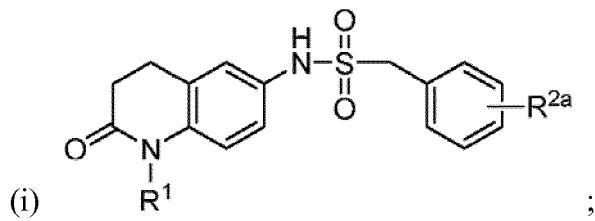
4. La formulación de la reivindicación 3, en la que:
35

- (i) cada R^{2a} se selecciona independientemente de entre el grupo que consiste en H, halógeno y alquilo C₁₋₆; o
- (ii) R² se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo, naftilo, tiofeno, furano, pirrolo y piridilo.

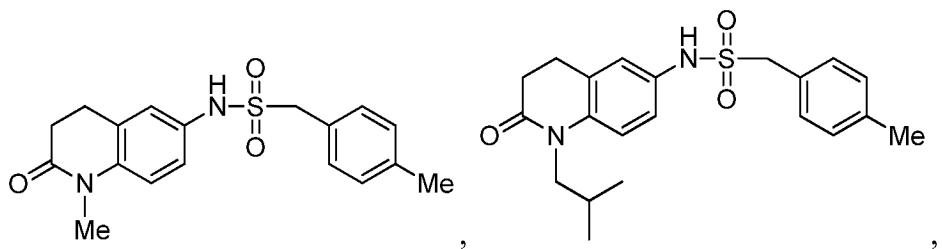
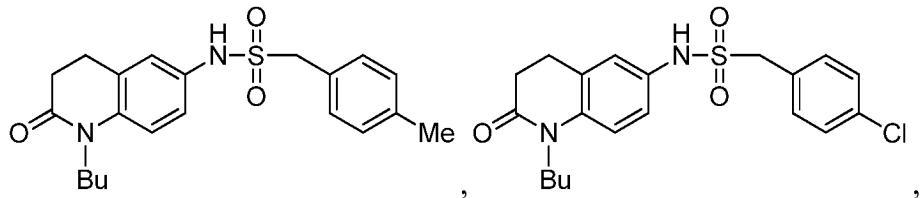
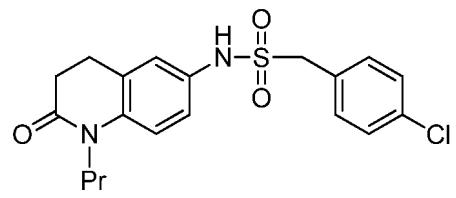
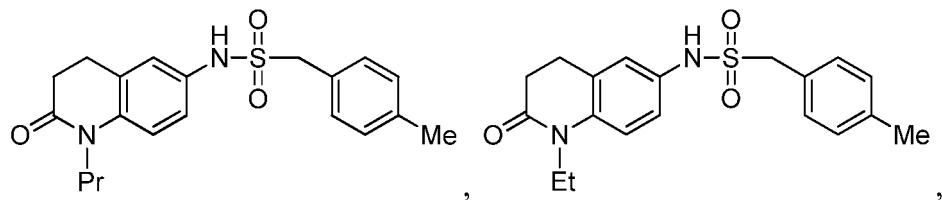
5. La formulación de la reivindicación 3, en la que:
40

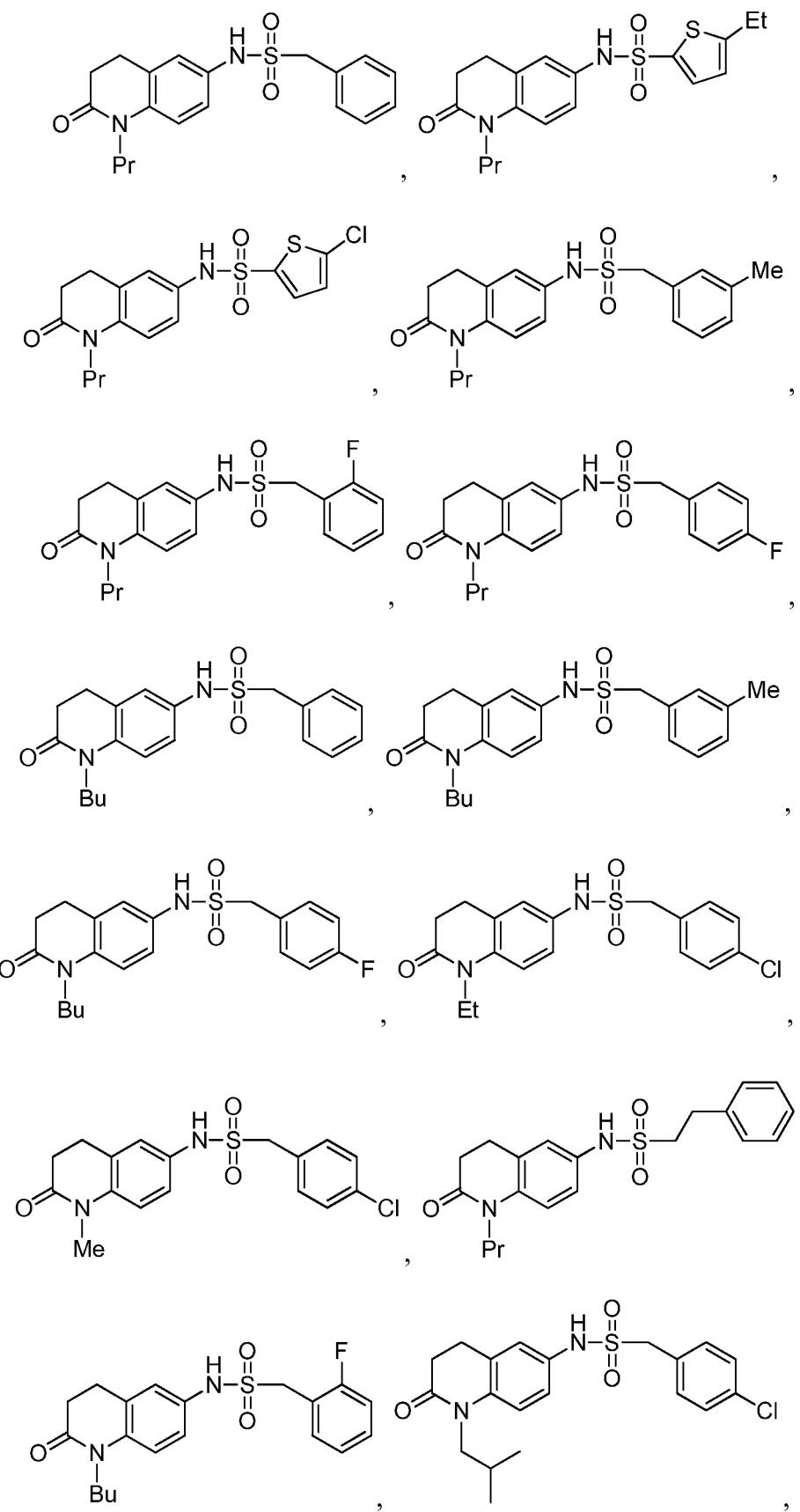
- R¹ se selecciona de entre el grupo que consiste en metilo, etilo, propilo, isopropilo, butilo, iso-butilo, sec-butilo, terc-butilo, pentilo, isopentilo, neo-pentilo y hexilo;
R² se selecciona de entre el grupo que consiste en fenilo y tiofeno, cada uno opcionalmente sustituido con 1 grupo R^{2a}; cada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

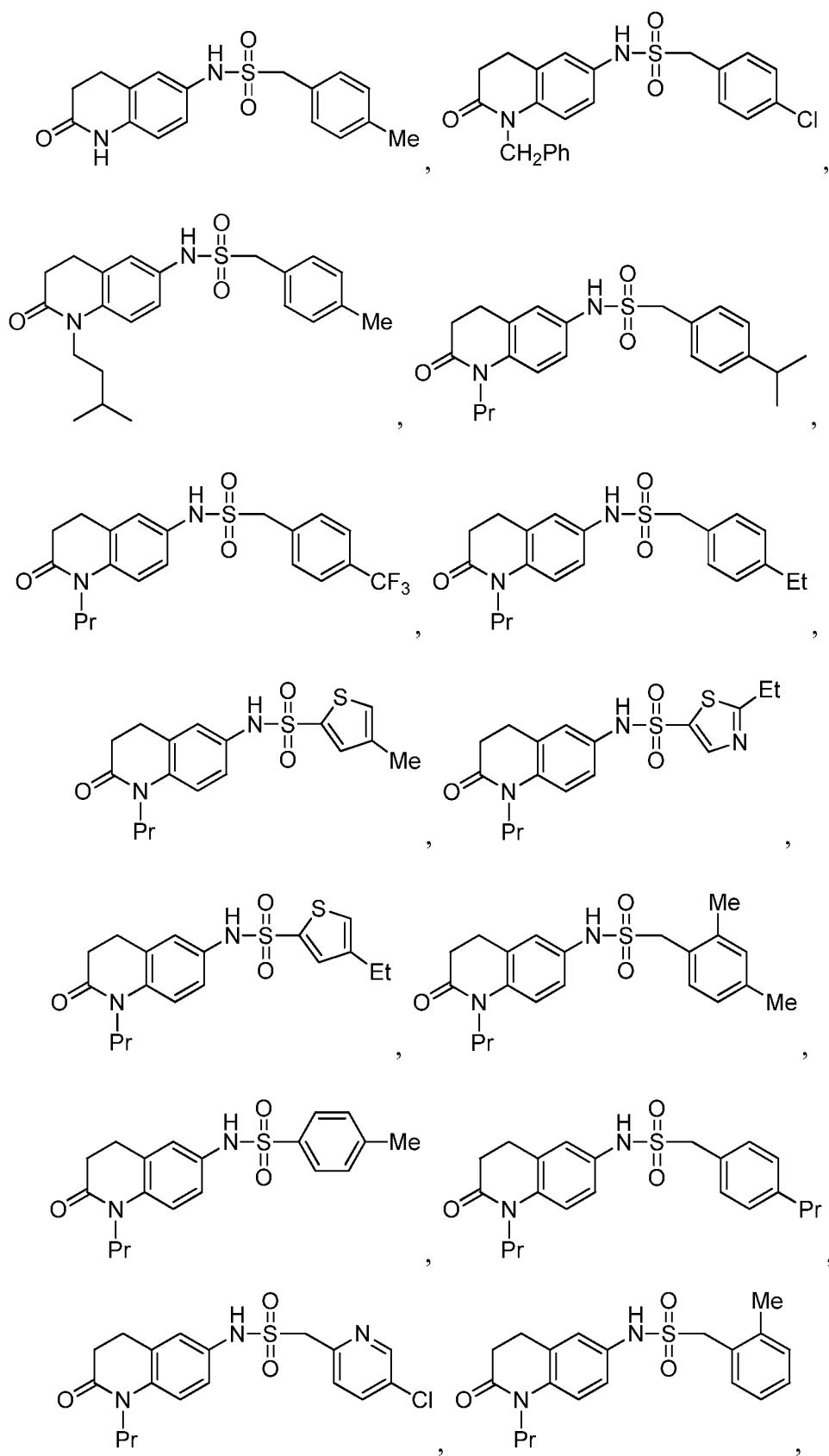
6. La formulación de la reivindicación 5, en la que el compuesto tiene la fórmula:

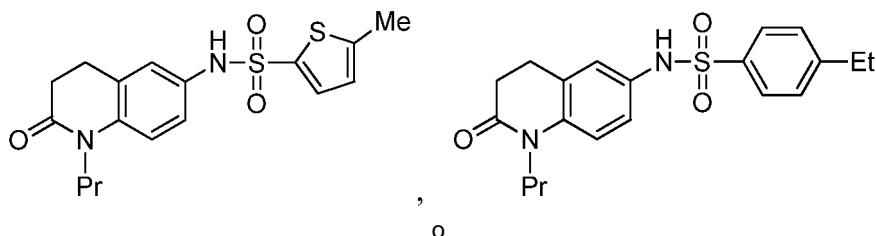


5 7. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto es uno de los compuestos que se muestran a continuación:

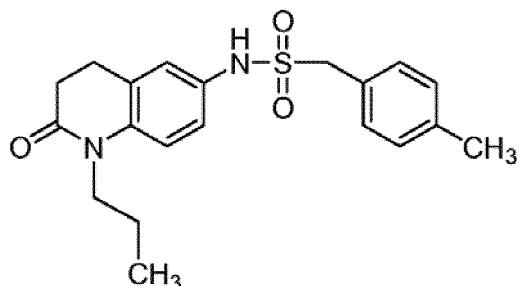








8. La formulación de la reivindicación 1, en la que el compuesto es



5

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

- (i) al menos uno de un fungicida, un herbicida, un plaguicida, un nematicida, 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.

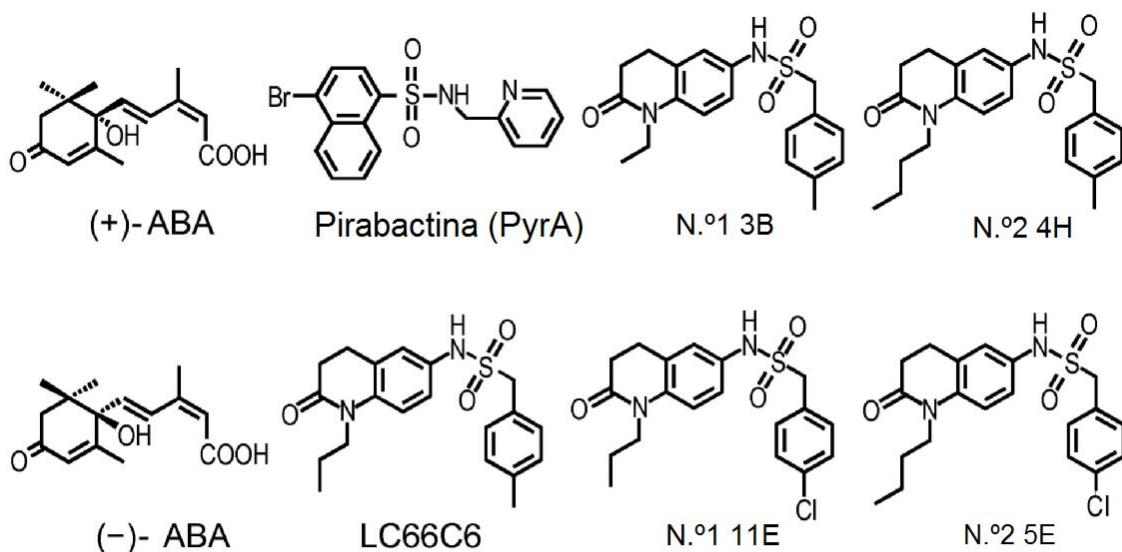
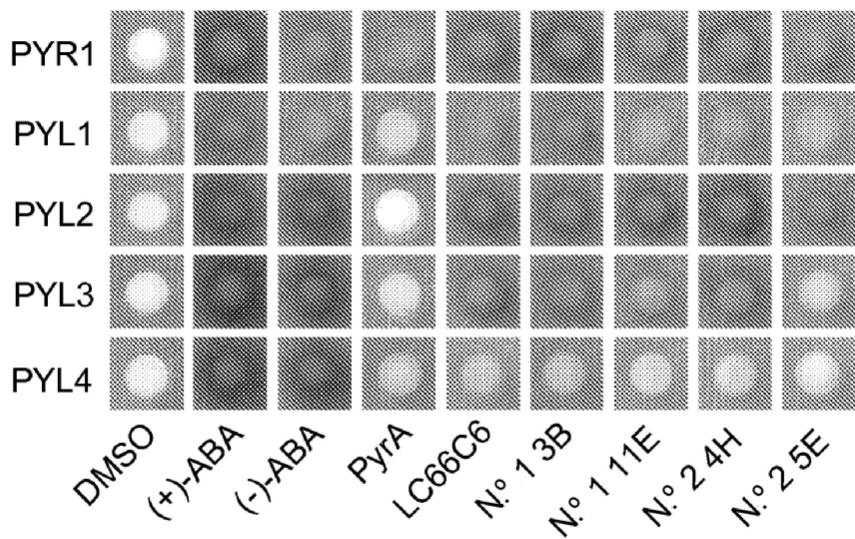
10 15 10. Un método de aumento de la tolerancia al estrés abiótico en una planta, comprendiendo el método poner en contacto una planta con una cantidad suficiente de la formulación de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9 para aumentar la tolerancia al estrés abiótico en la planta en comparación con no poner en contacto la planta con la formulación.

20 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.

25 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.

30 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**

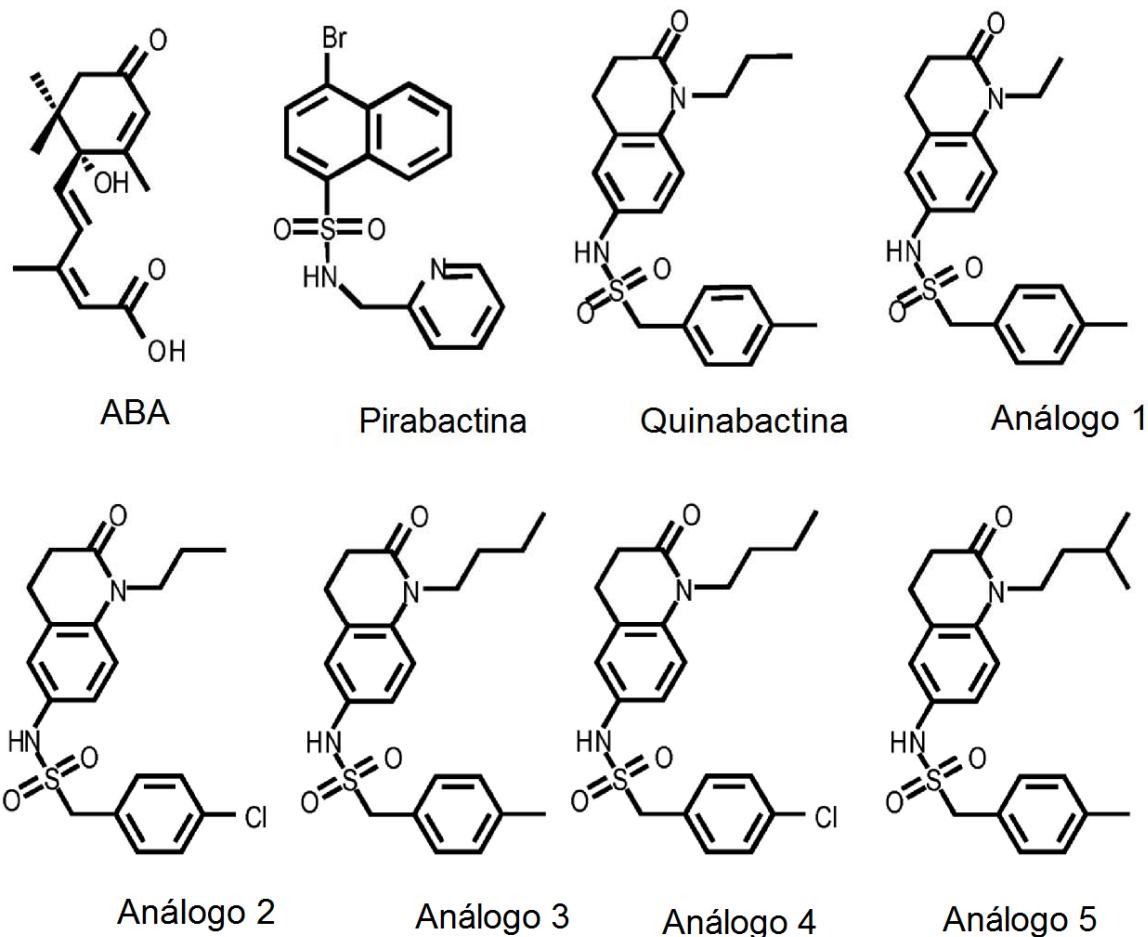
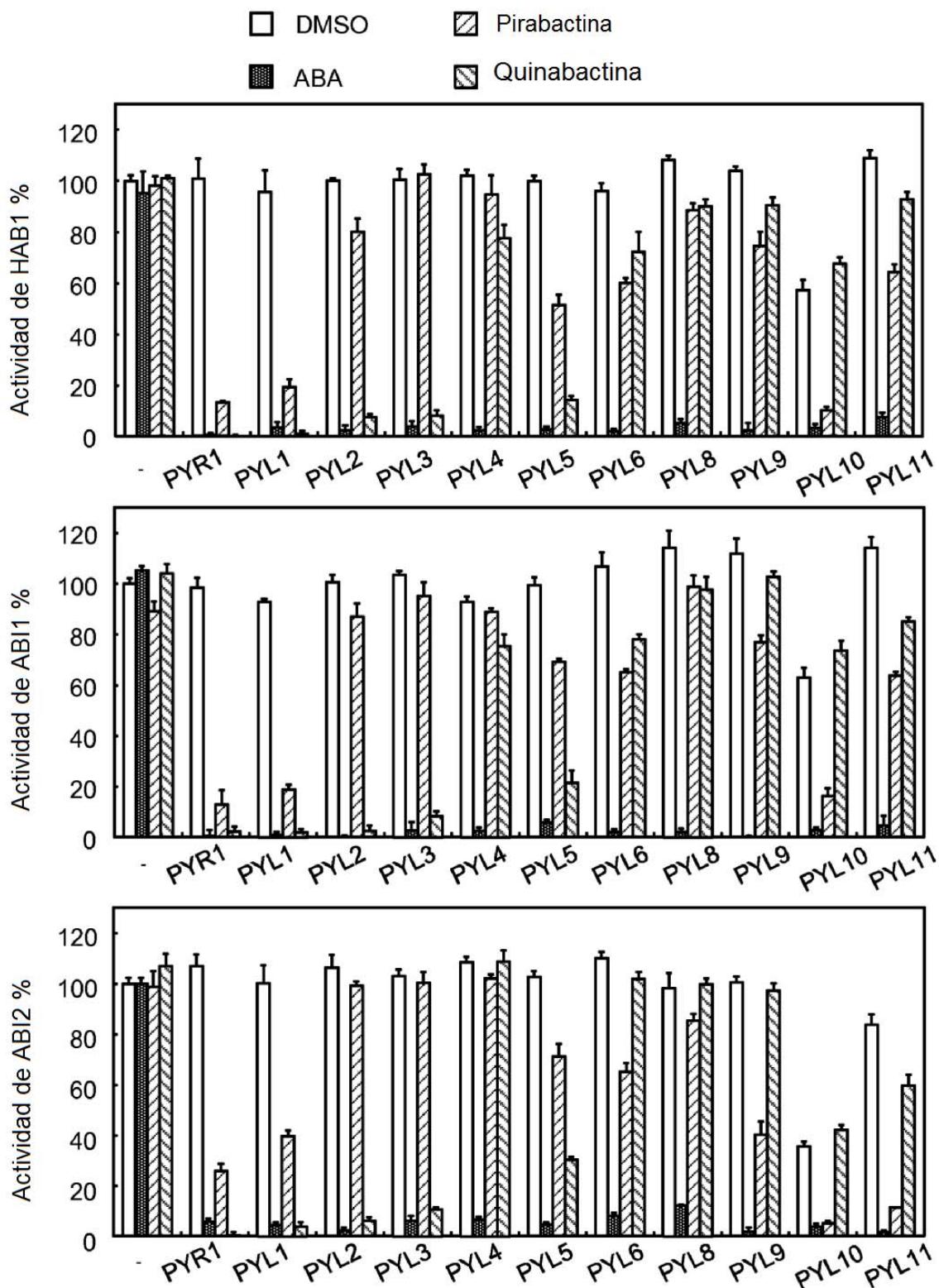
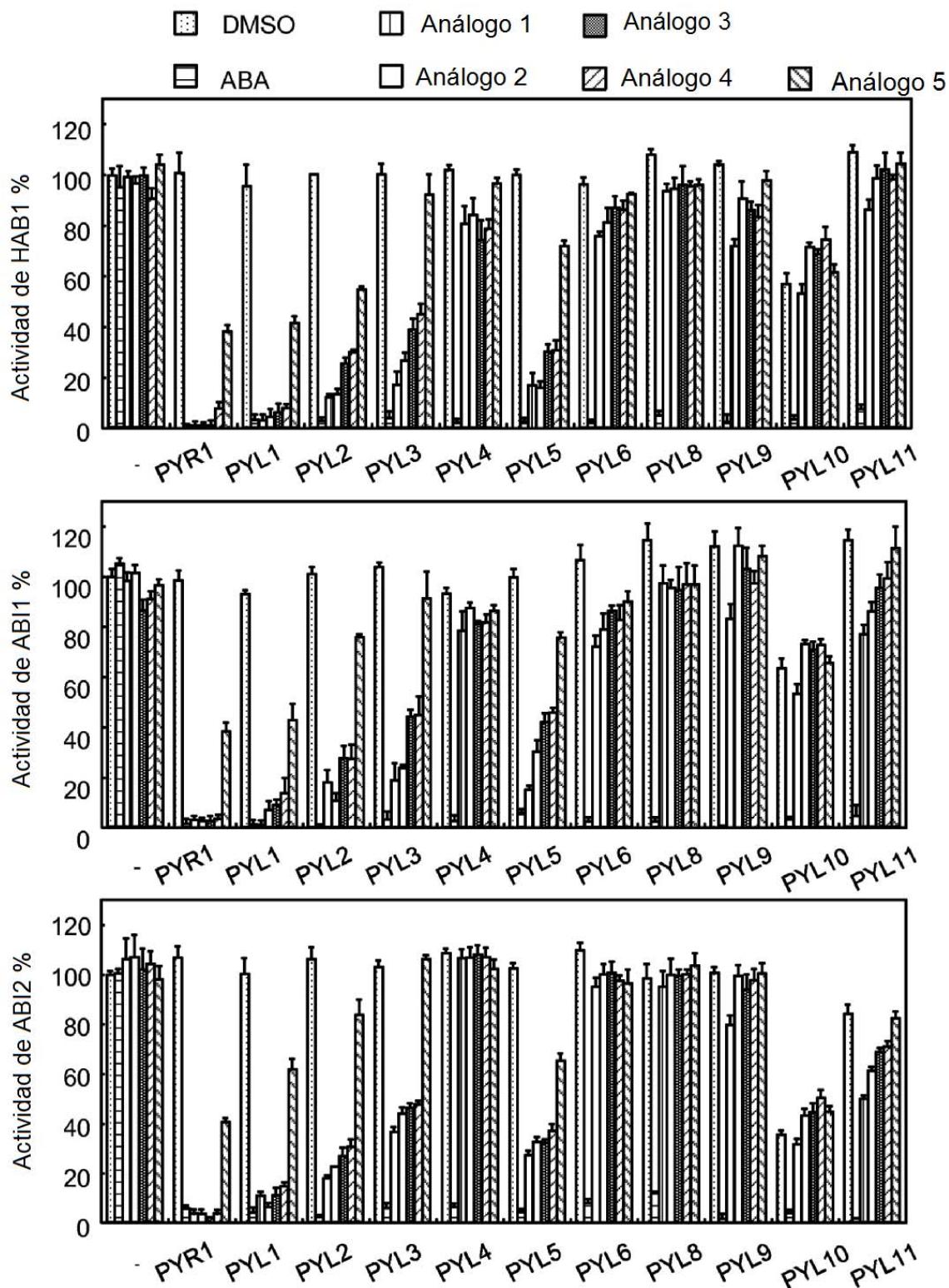
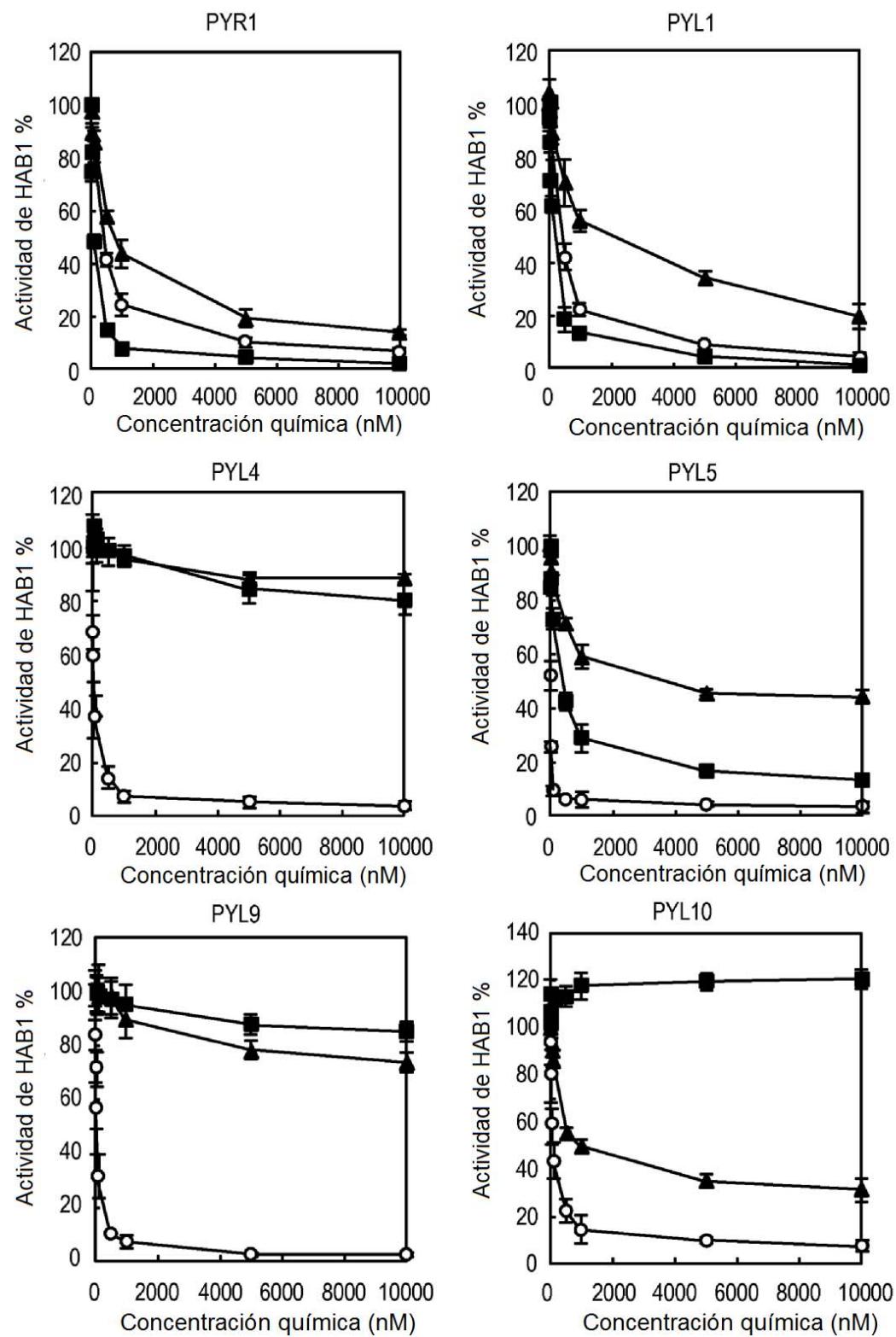


FIG. 2A

**FIG. 2B**

**FIG. 2C**

**FIG. 3A**

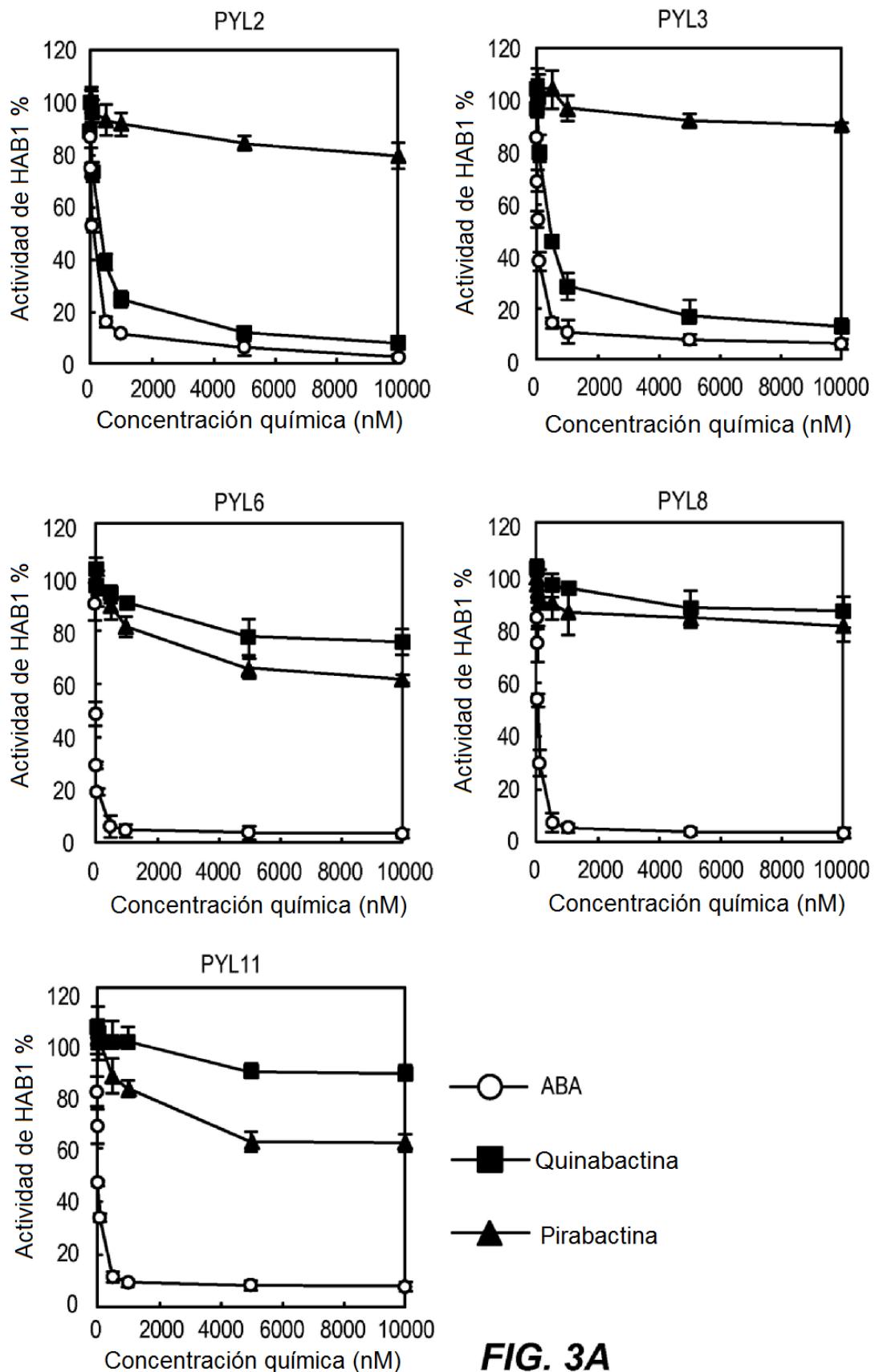
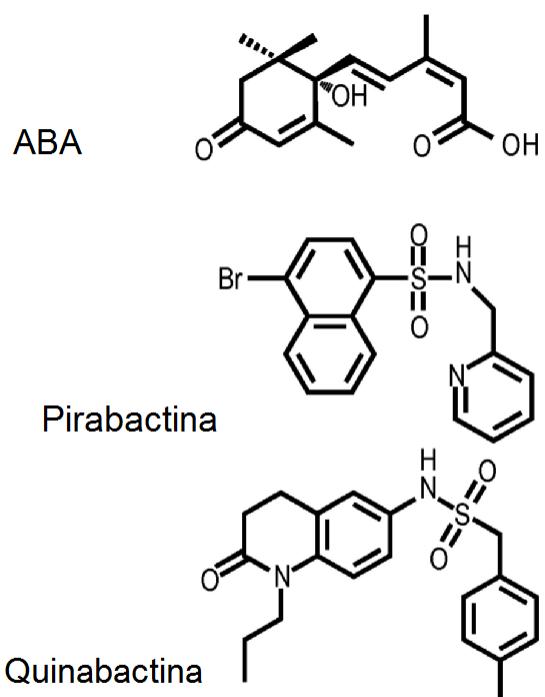
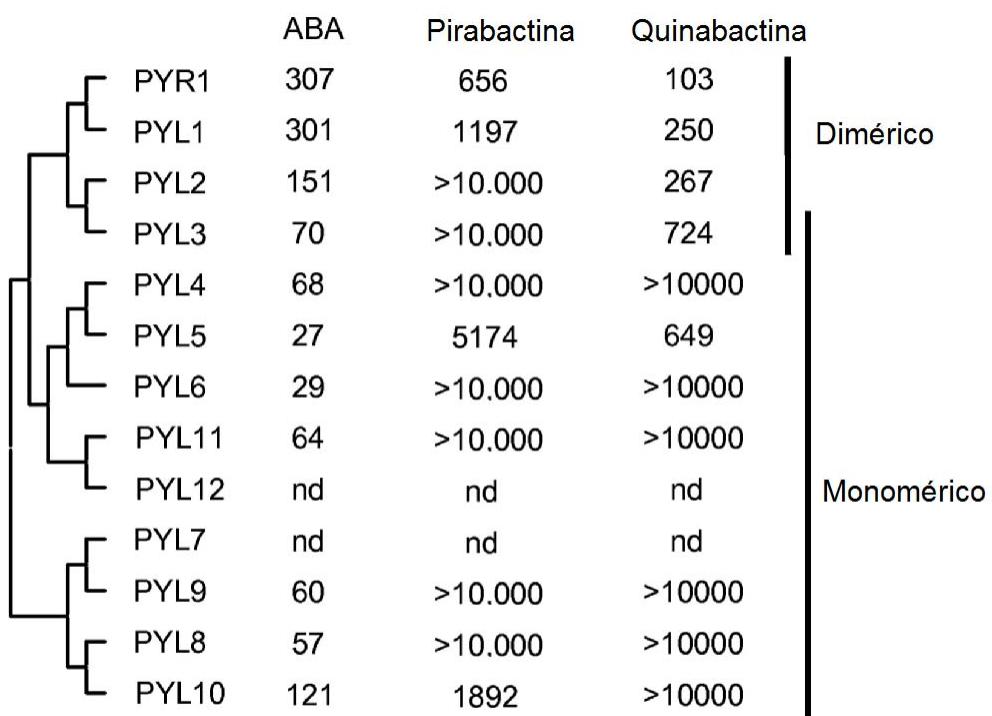
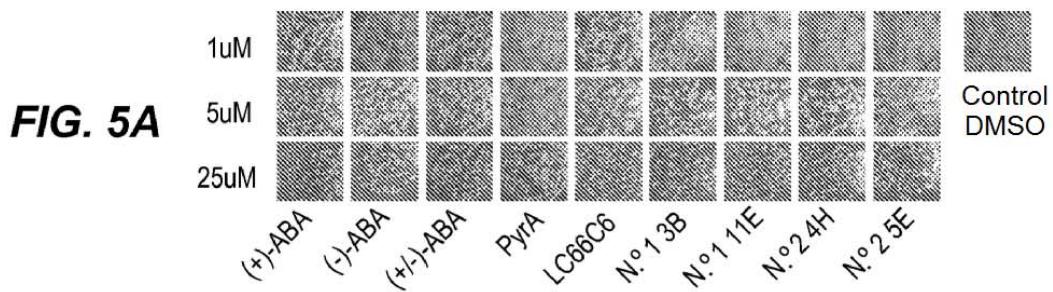
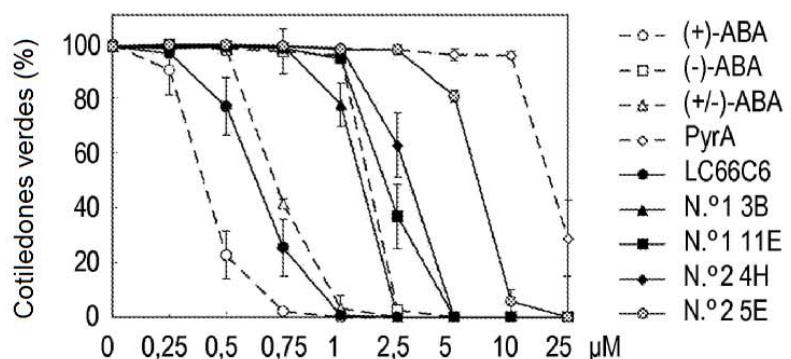
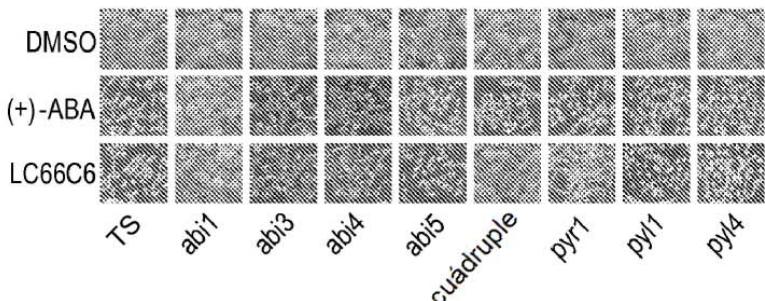
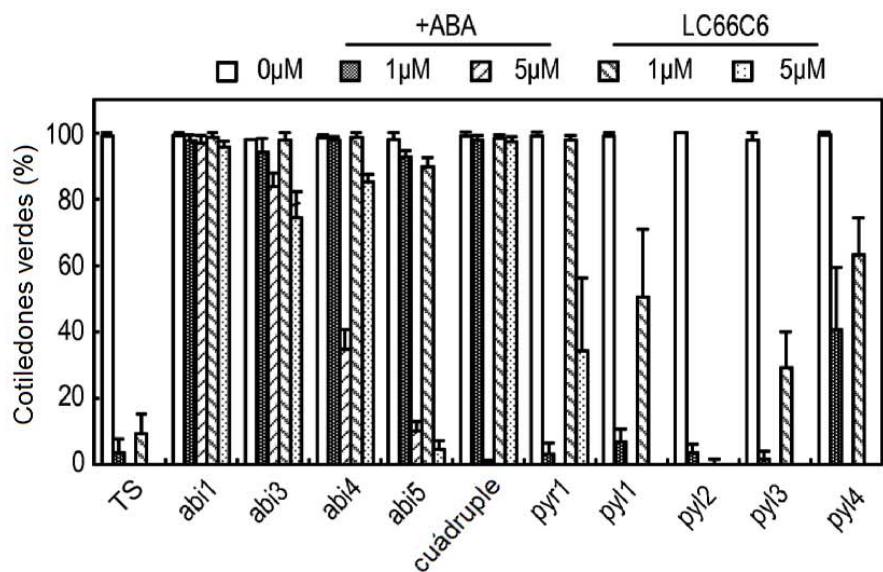


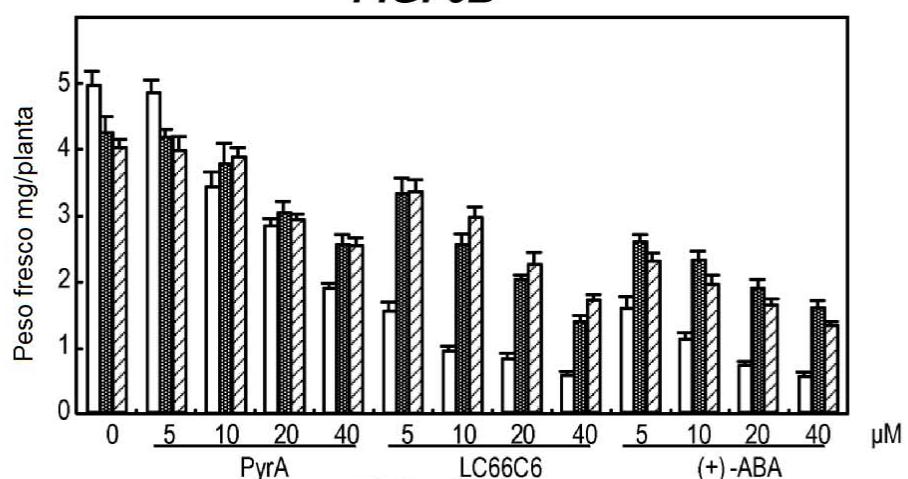
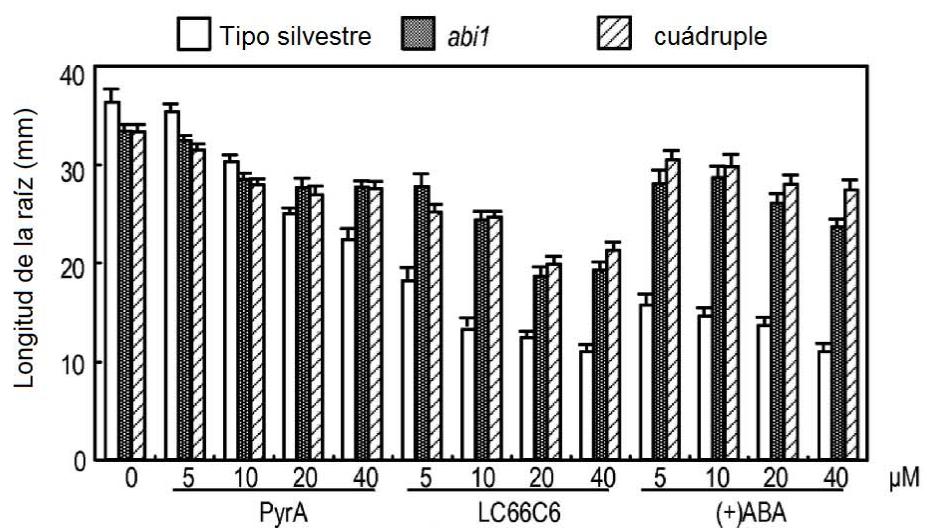
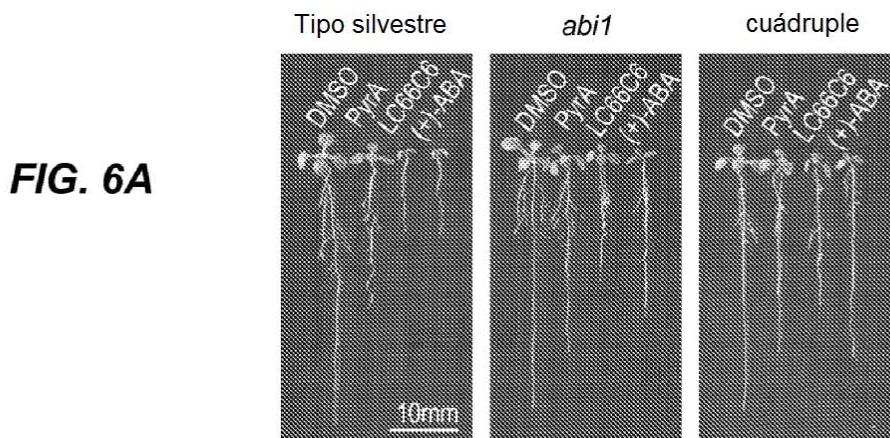
FIG. 3A
(Continuación)

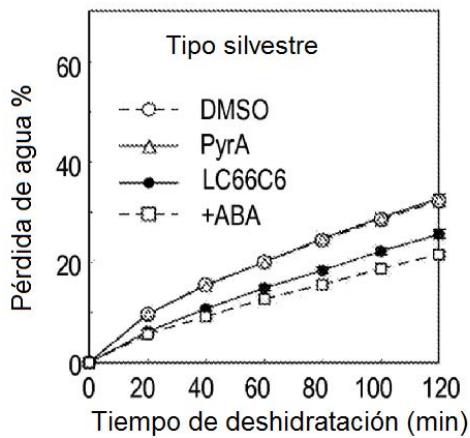
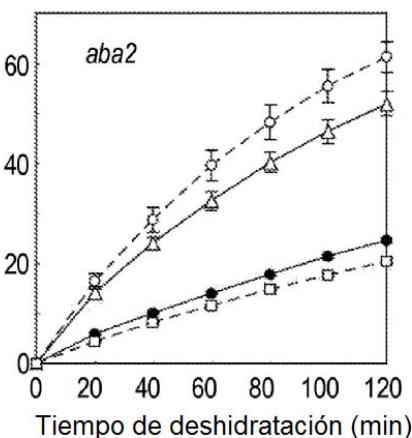
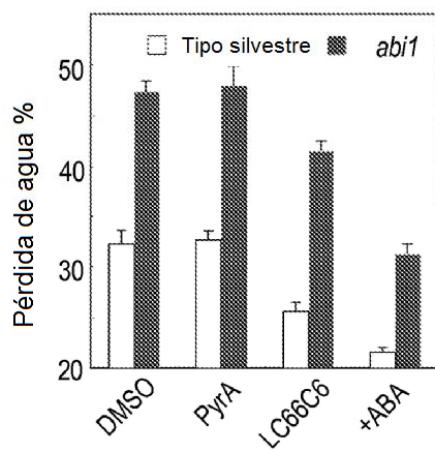
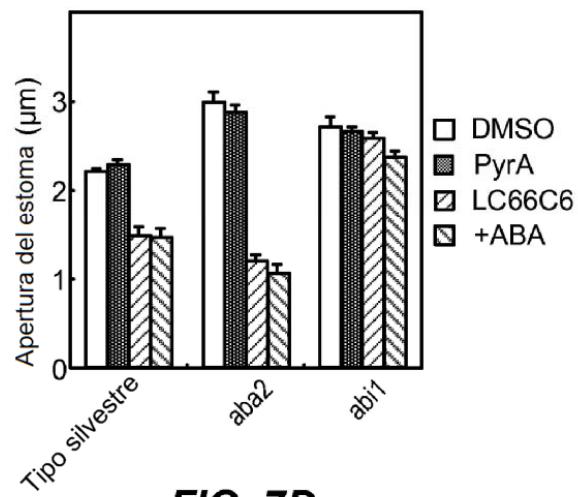
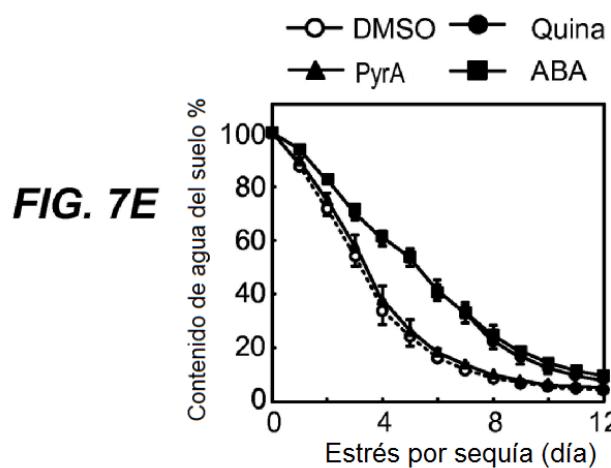
Cl_{50} (nM)	Tipo dimérico						Tipo monomérico				
	PYR 1	PYL 1	PYL 2	PYL 3	PYL 4	PYL 5	PYL 6	PYL 8	PYL 9	PYL 10	PYL 11
ABA	307	301	151	70	68	27	29	57	60	121 (*18)	64
Quina	103	250	267	724	>10 uM	649	>10 uM	>10 uM	>10 uM	>10 uM(*>10 uM)	>10 uM
Pyra	656	1197	>10 uM	>10 uM	>10 uM	5174	>10 uM	>10 uM	1892 (*206)	>10 uM	>10 uM

FIG. 3B

**FIG. 4A****FIG. 4B**

**FIG. 5B****FIG. 5C****FIG. 5D**



**FIG. 7A****FIG. 7B****FIG. 7C****FIG. 7D****FIG. 7E**

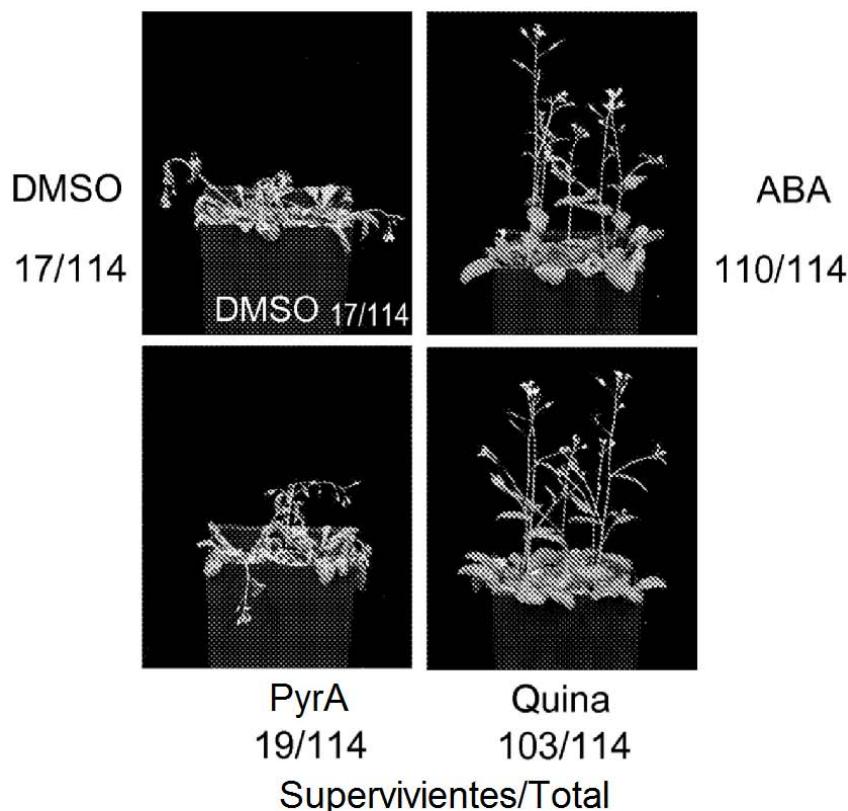


FIG. 8A

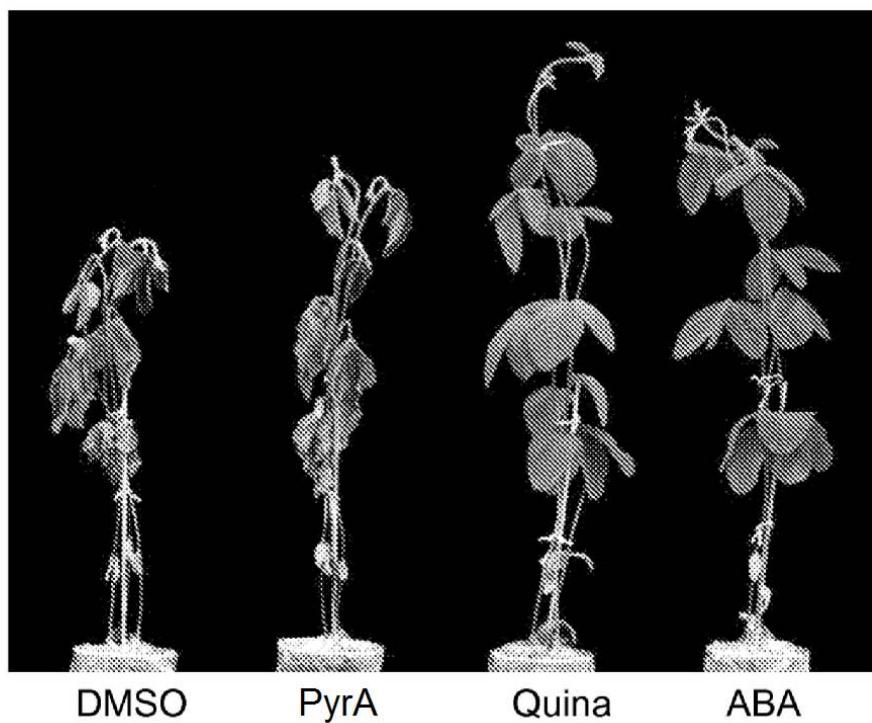
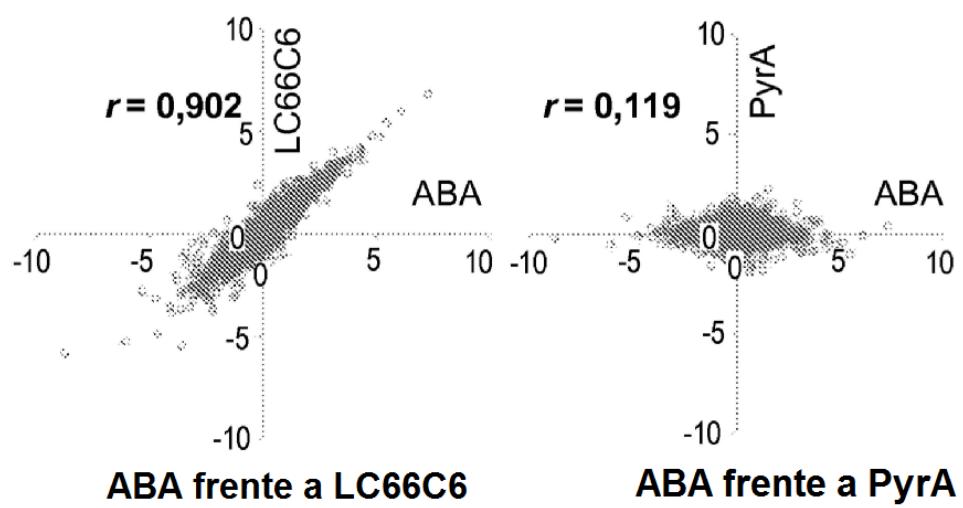
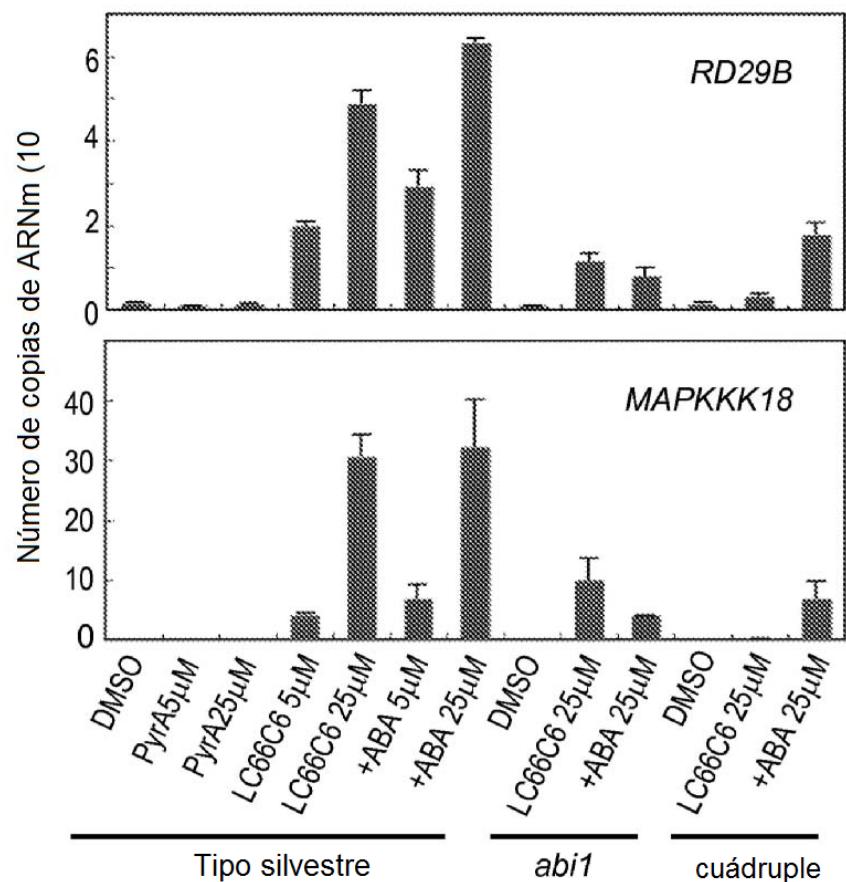


FIG. 8B

FIG. 9A**FIG. 9B**

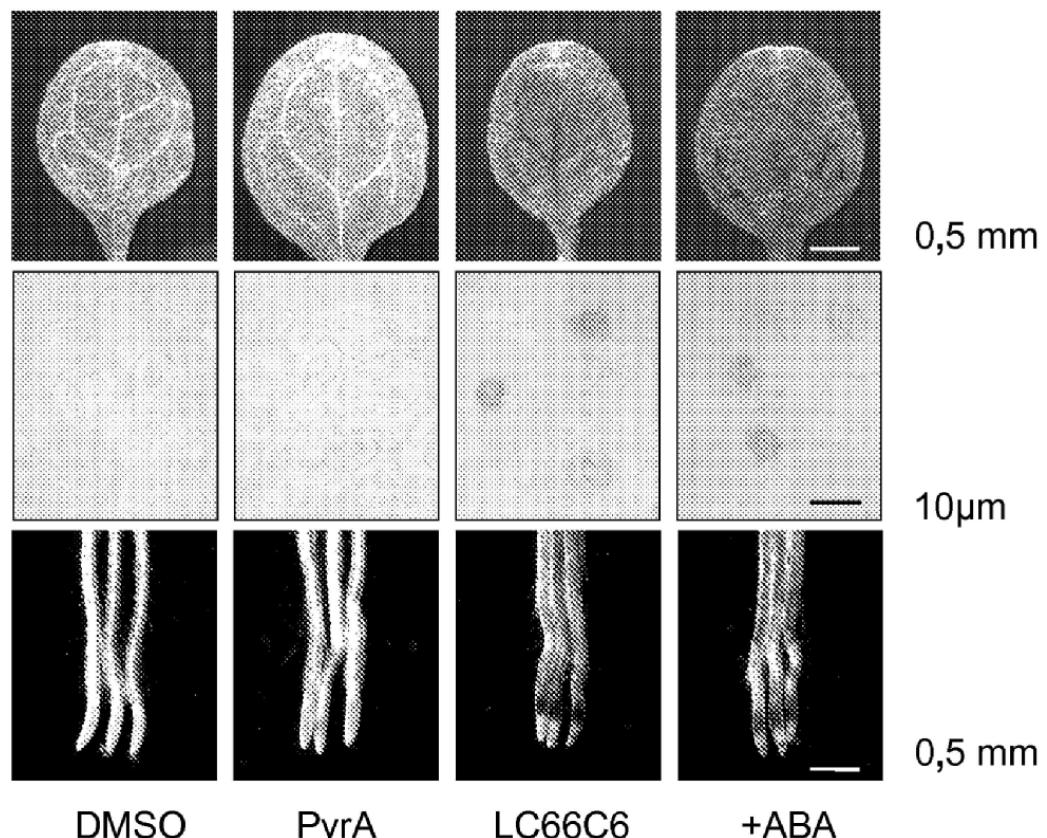


FIG. 9C

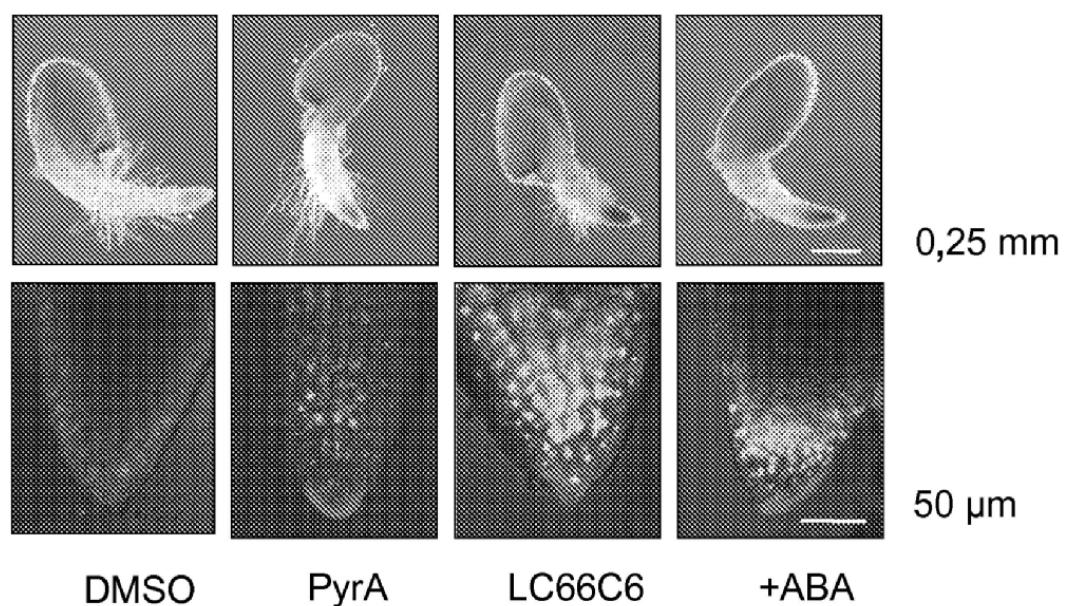


FIG. 9D

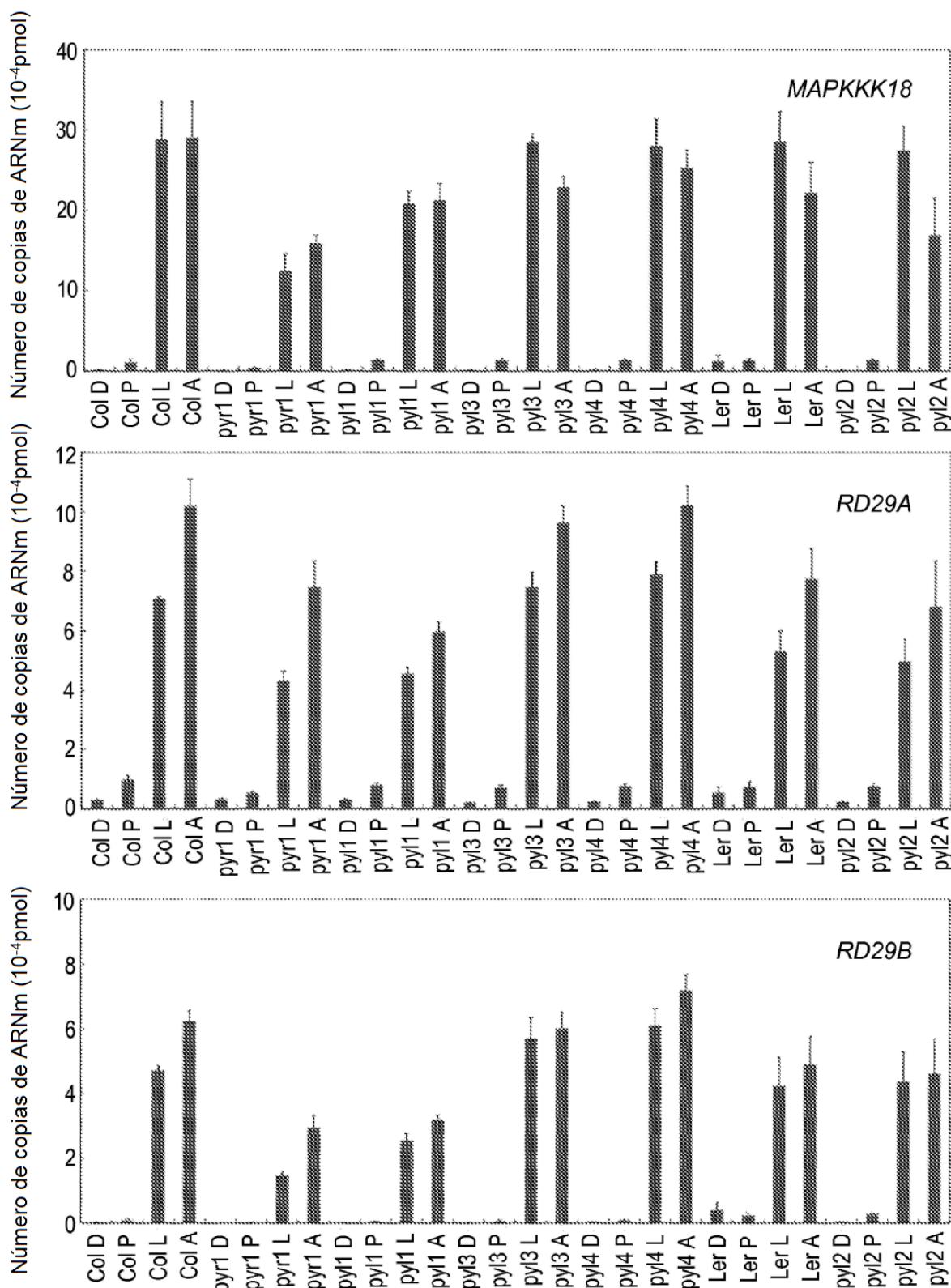
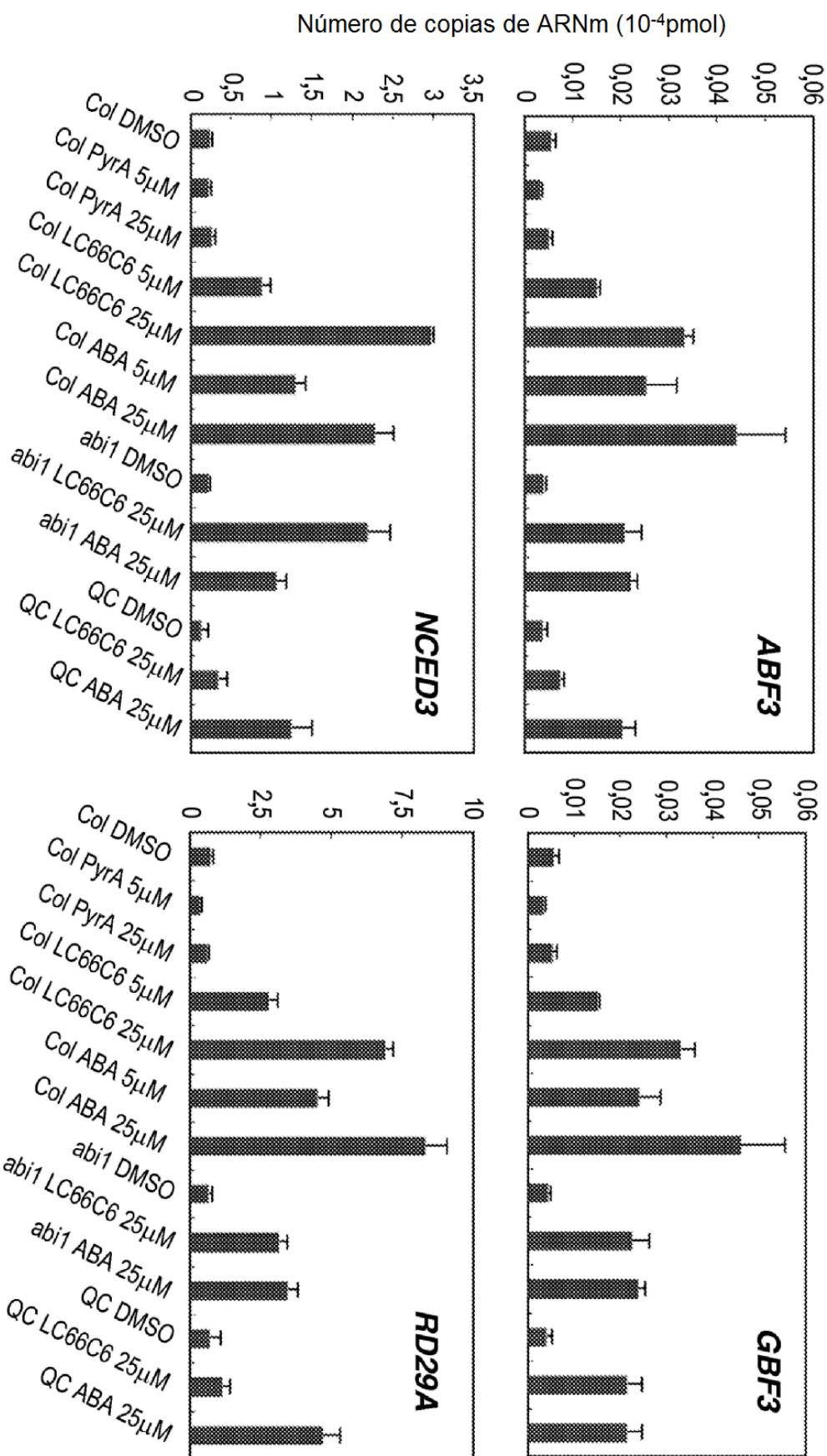
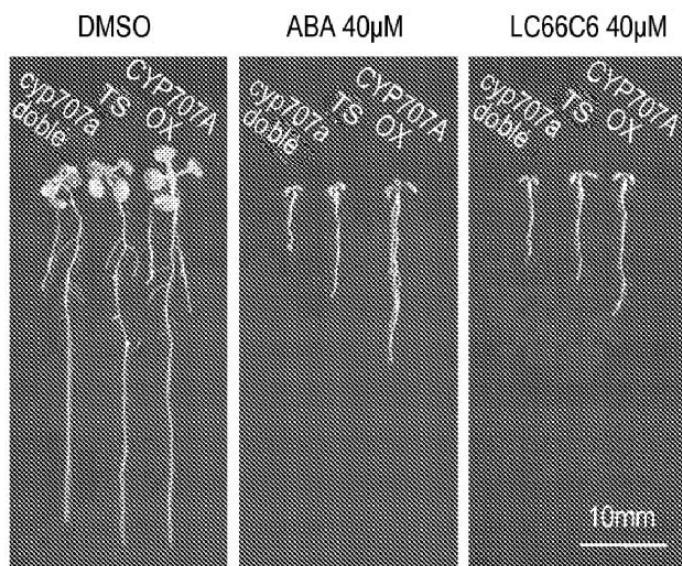
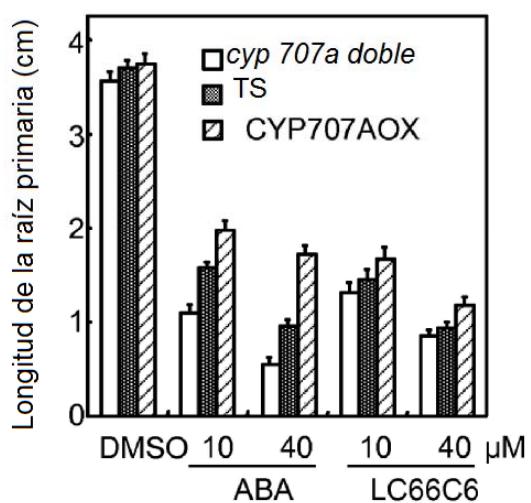
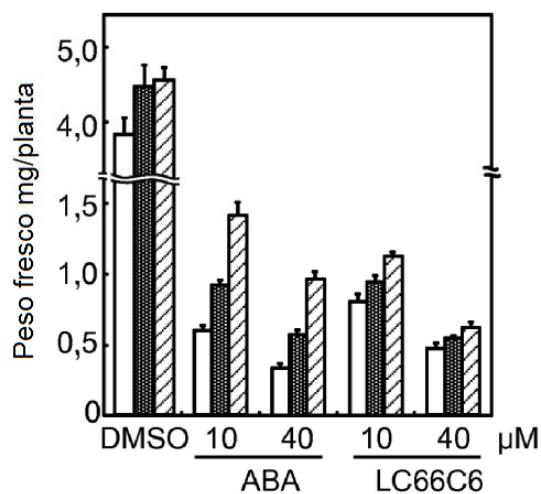
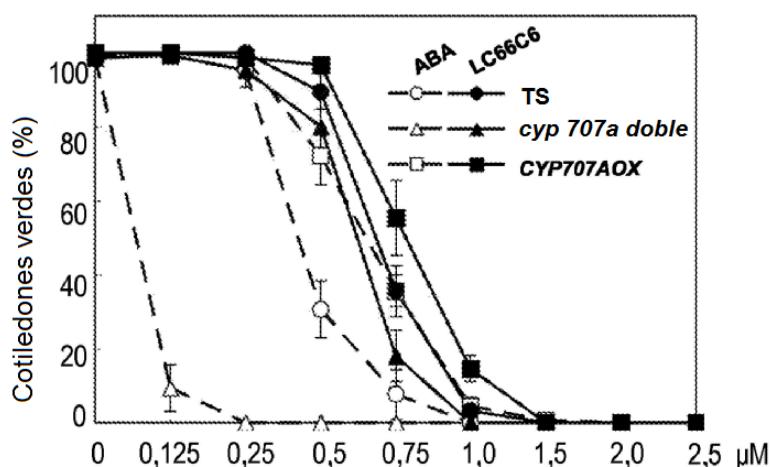
**FIG. 10**

FIG. 11

**FIG. 12A****FIG. 12B****FIG. 12C****FIG. 12D**

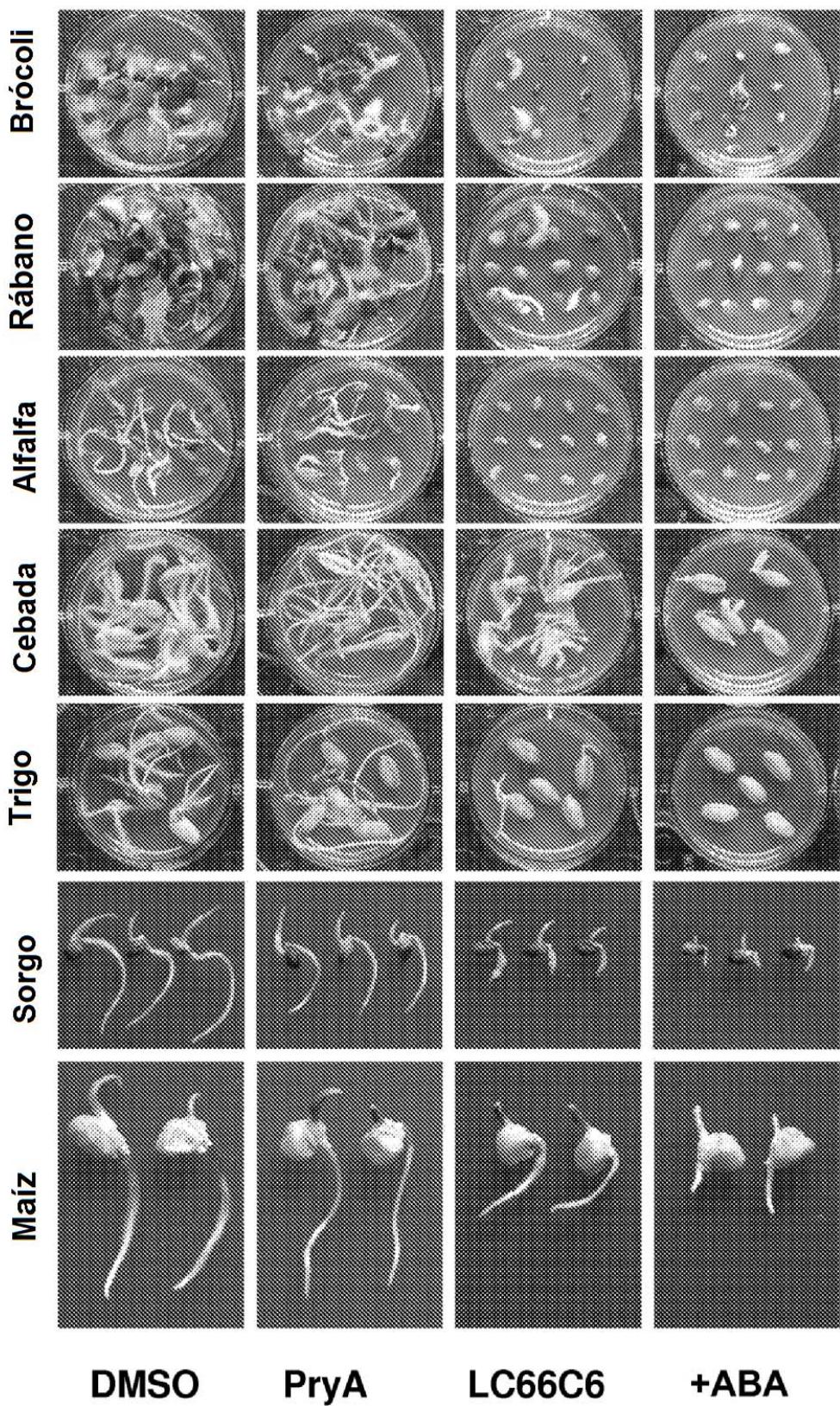


FIG. 13A

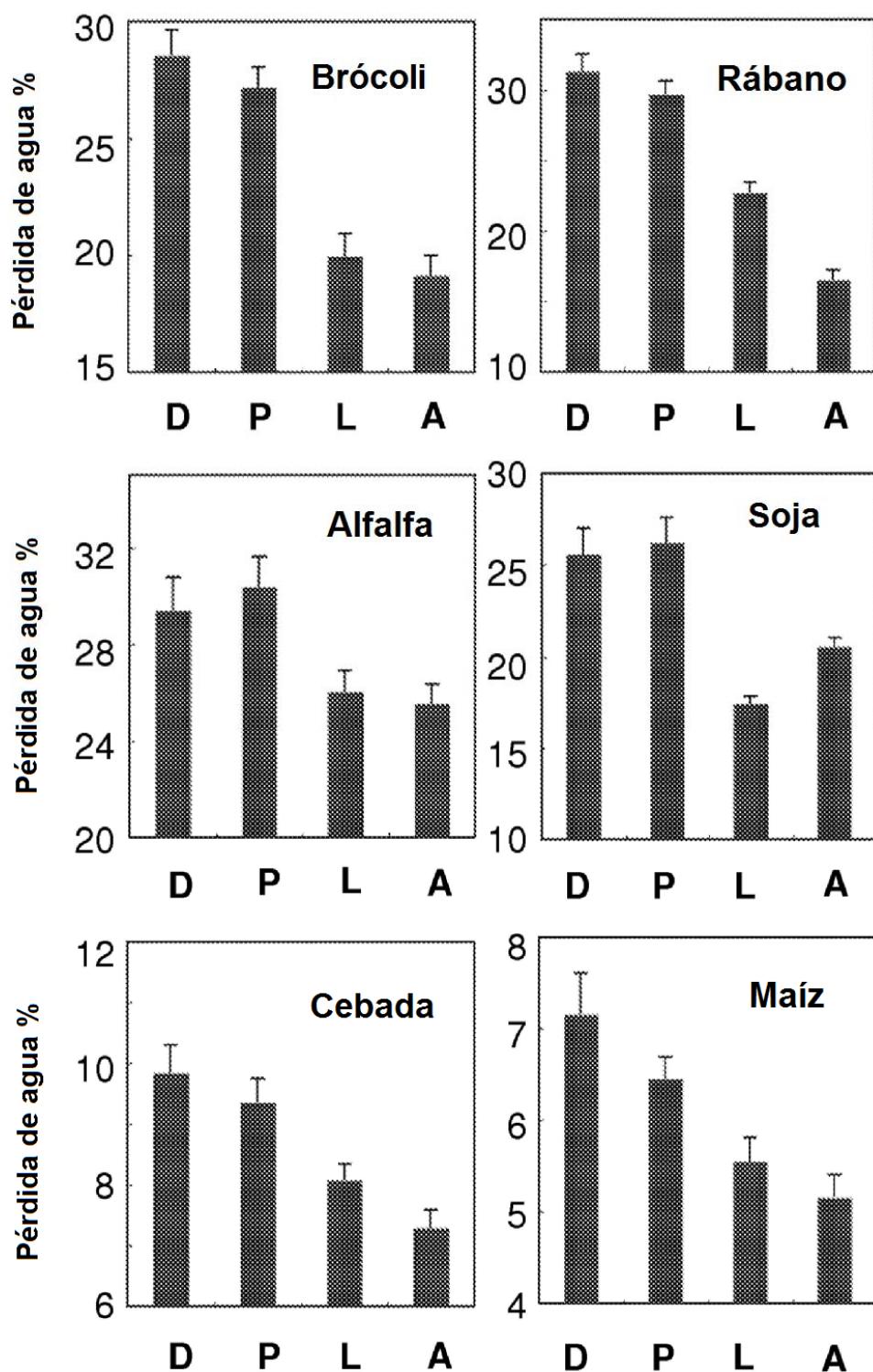
**FIG. 13B**

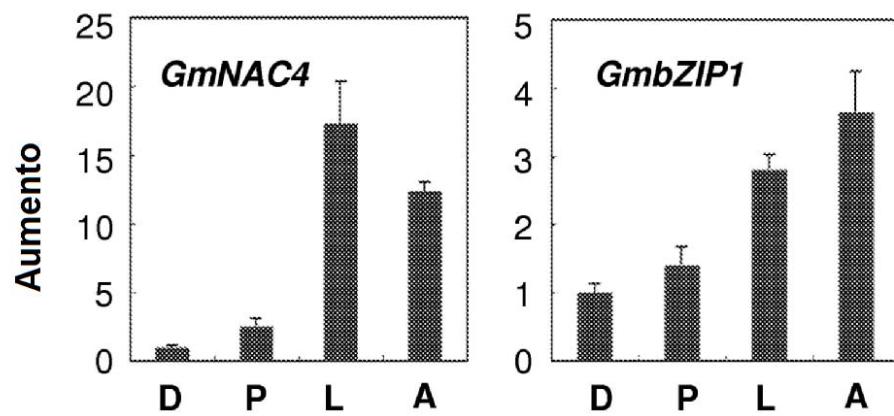
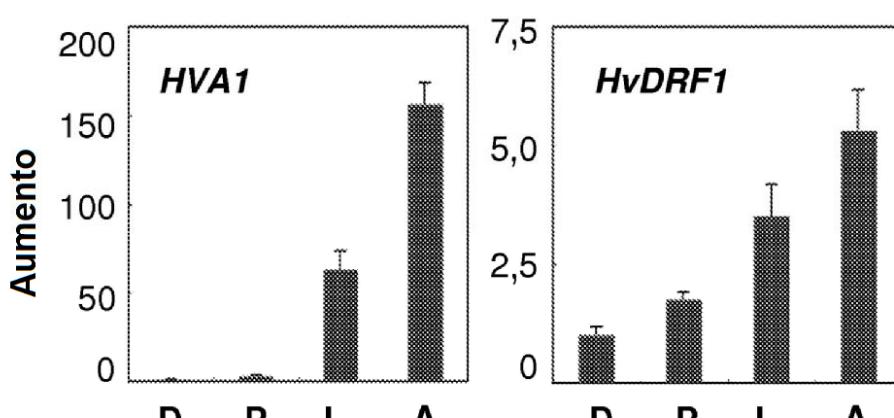
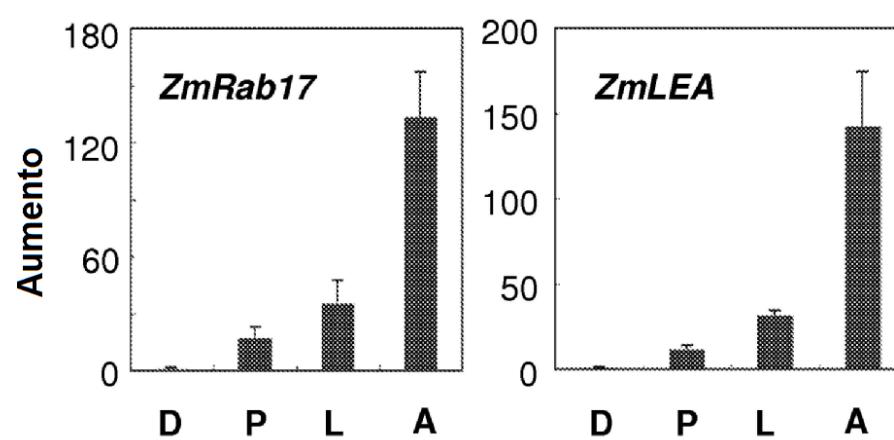
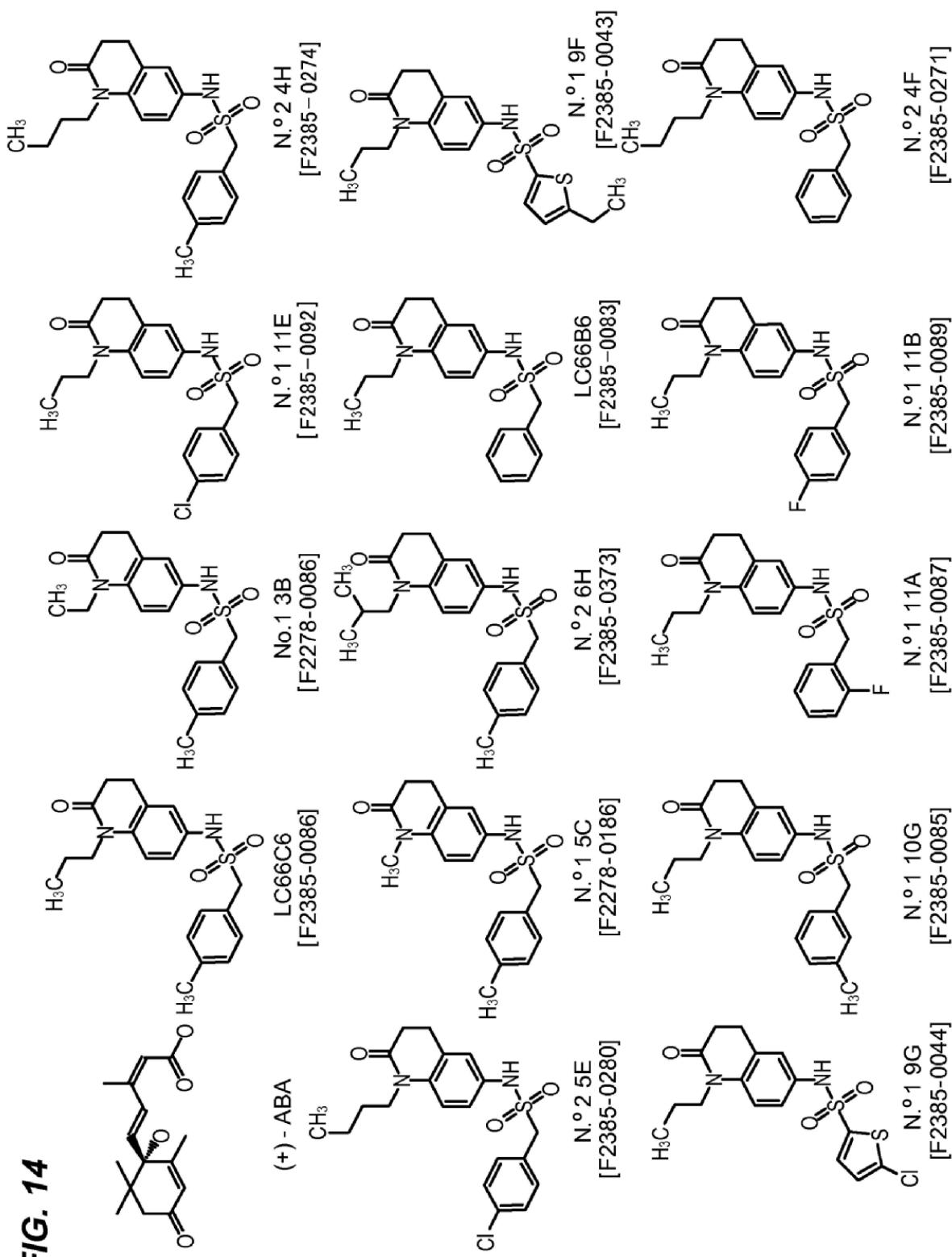
FIG. 13C**FIG. 13D****FIG. 13E**

FIG. 14



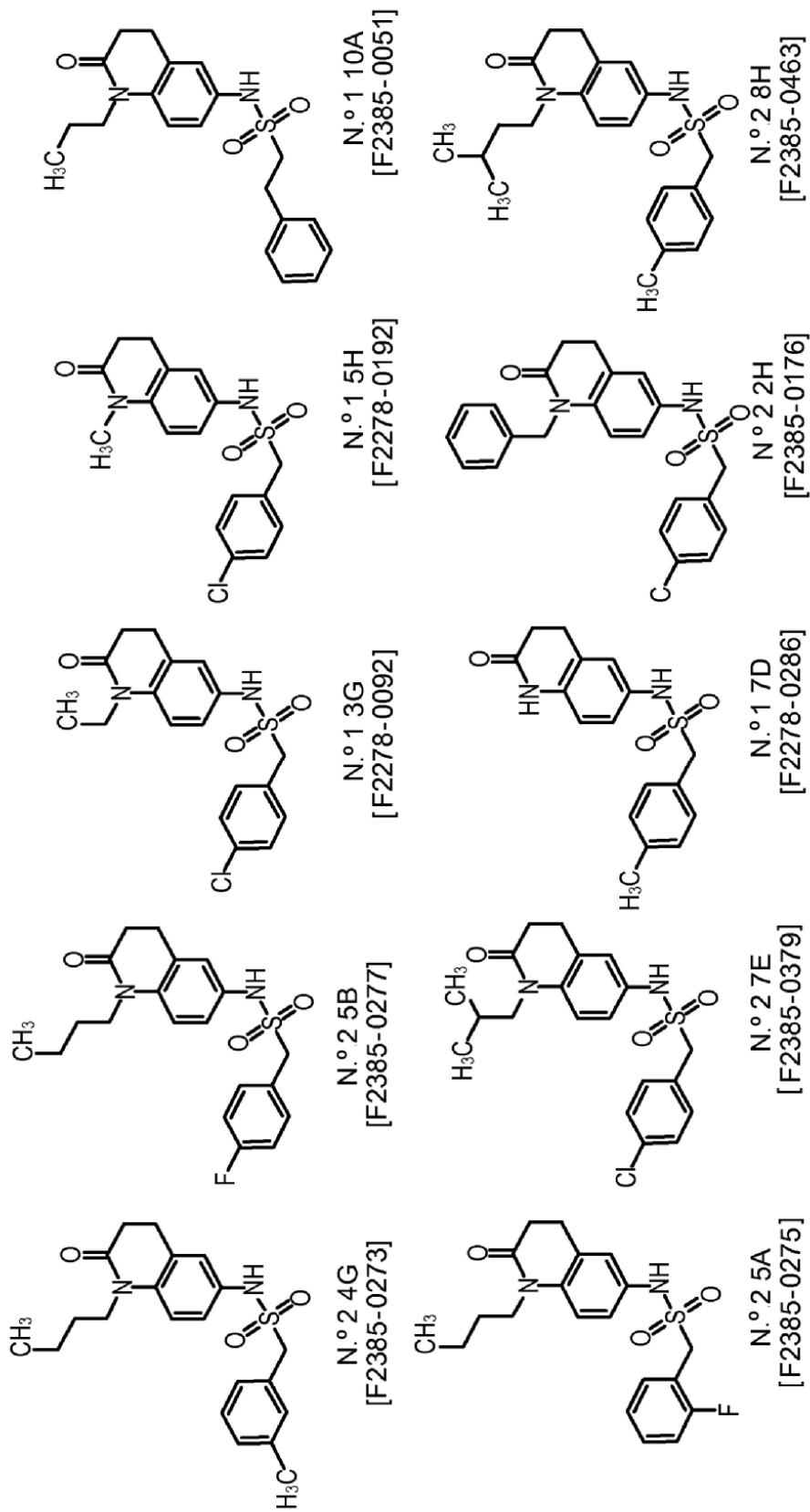
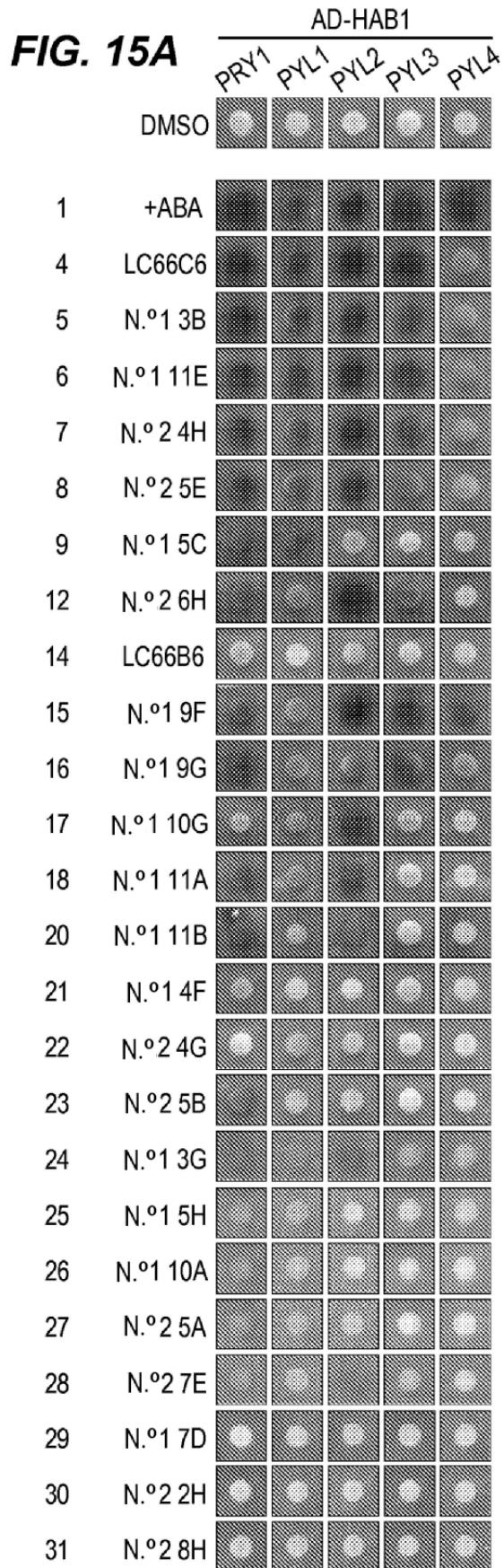
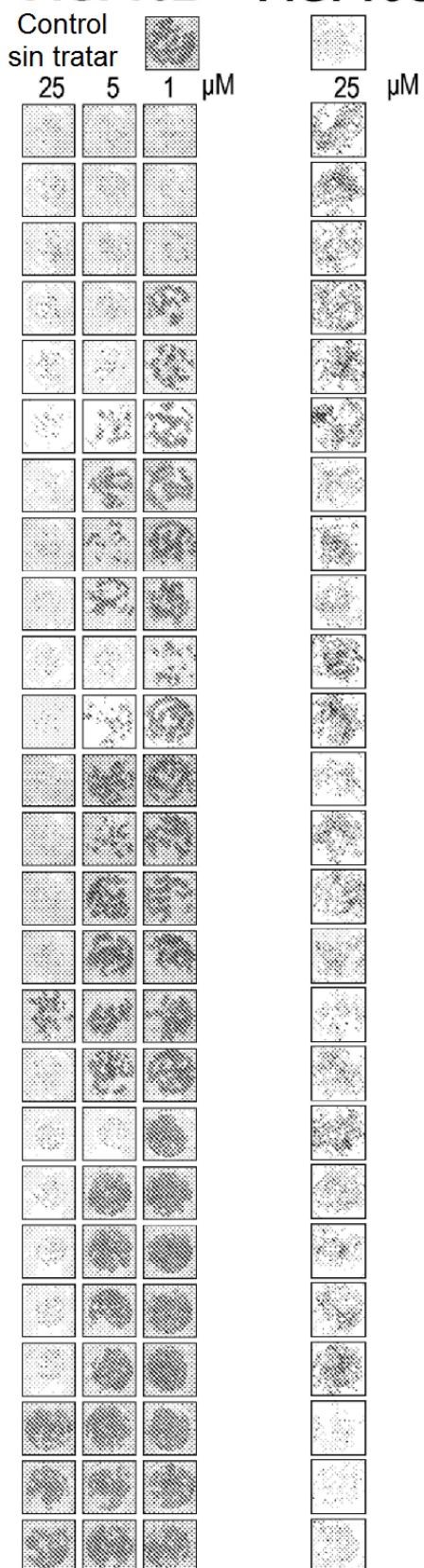


FIG. 14
(Continuación)

**FIG. 15B** **FIG. 15C**



Tipo silvestre *aba2*
+ DMSO *aba2*
+ PyrA *aba2*
+ LC66C6 *aba2*
+ +ABA

FIG. 16A

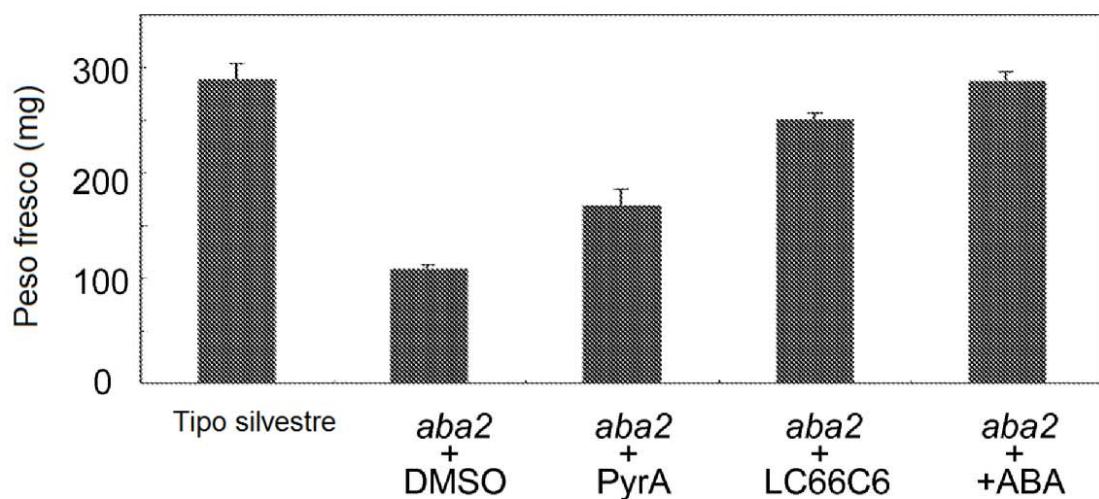
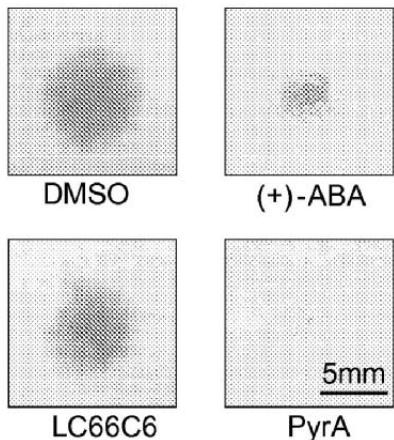
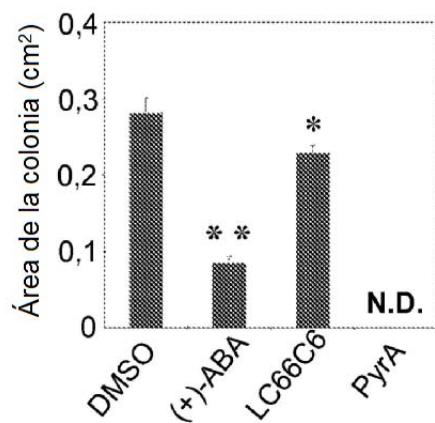
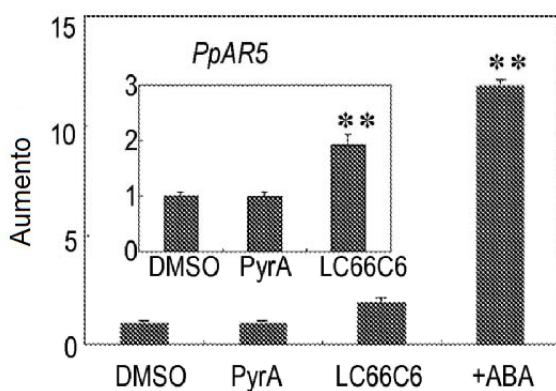
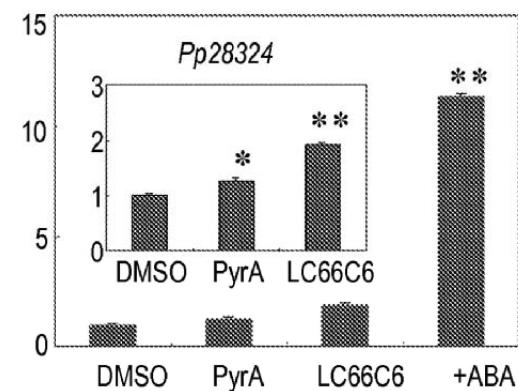
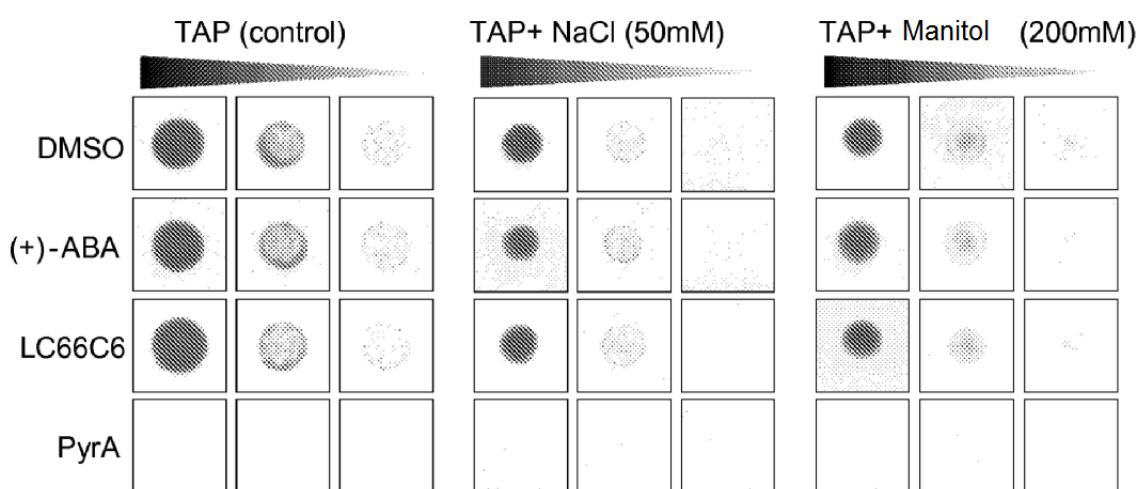
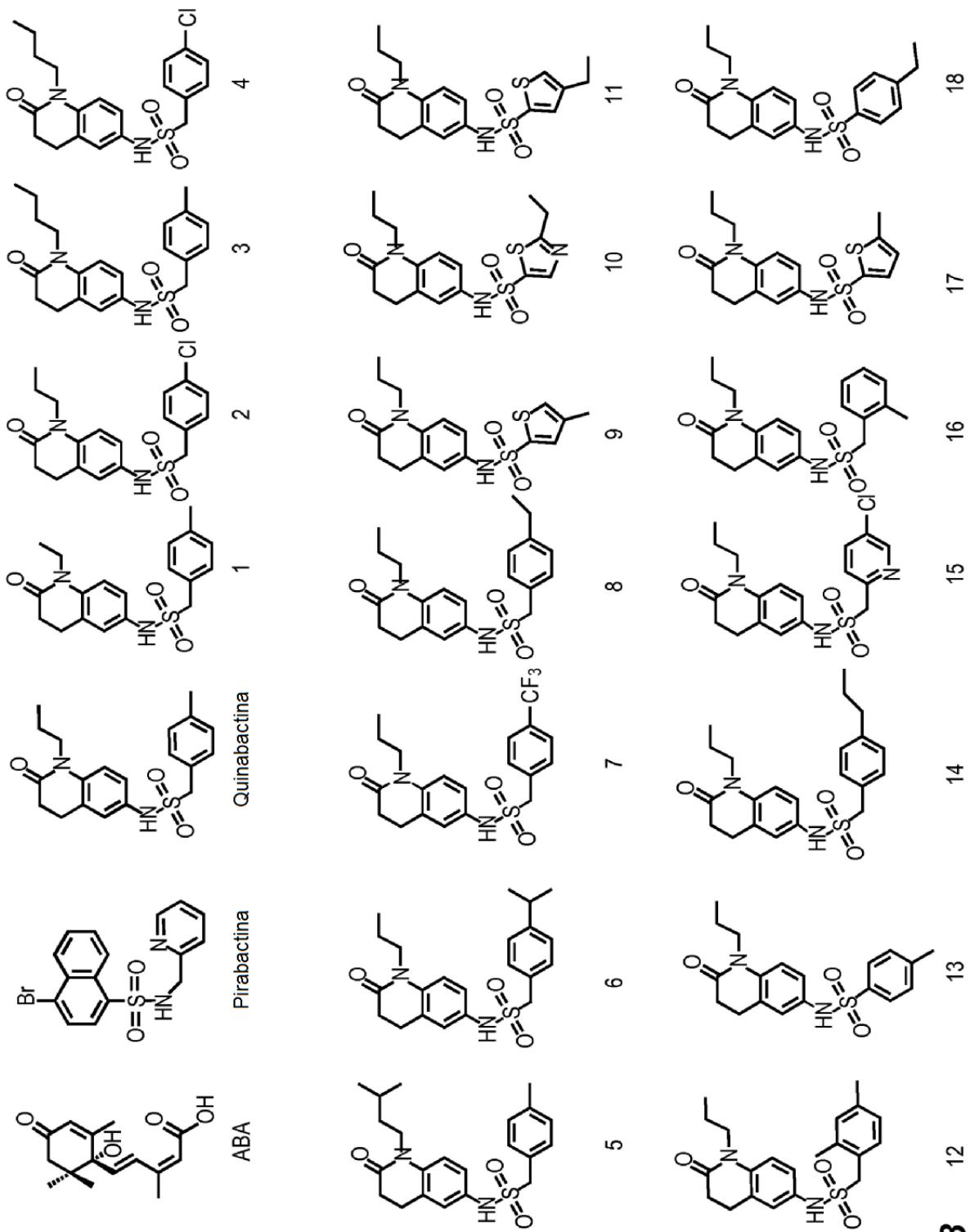


FIG. 16B

**FIG. 17A****FIG. 17B****FIG. 17C****FIG. 17C****FIG. 17D**



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)