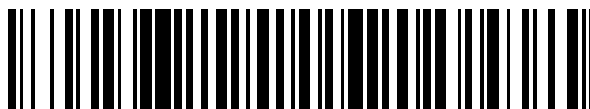


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 729 252**

51 Int. Cl.:

C12N 15/09 (2006.01)

A01H 5/00 (2008.01)

A01H 5/10 (2008.01)

A23L 19/00 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **07.11.2014 PCT/JP2014/079552**

87 Fecha y número de publicación internacional: **14.05.2015 WO15068794**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **07.11.2014 E 14859851 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **01.05.2019 EP 3081641**

54 Título: **Planta mutante**

30 Prioridad:

07.11.2013 JP 2013231495

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
31.10.2019

73 Titular/es:

**UNIVERSITY OF TSUKUBA (50.0%)
1-1, Tennodai 1-chome Tsukuba-shi
Ibaraki 305-8577, JP y
RIKEN (50.0%)**

72 Inventor/es:

**EZURA, HIROSHI;
ARIIZUMI, TOHRU;
SHINOZAKI, YOSHIHITO;
KIMBARA, JUNJI;
KUSANO, MIYAKO;
FUKUSHIMA, ATSUSHI y
SAITO, KAZUKI**

74 Agente/Representante:

ELZABURU, S.L.P

ES 2 729 252 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

Planta mutante

Campo técnico

5 La presente invención se refiere a una planta mutante que tiene un aumento en el vigor de la planta y exhibe una excelente resistencia al calor.

Antecedentes de la técnica

El tomate se come en todo el mundo y contiene también abundantemente vitaminas, licopeno y similares, por lo que es elevadamente nutritivo.

10 Sin embargo, en términos de la zona adecuada para su cultivo, no siempre es de esperar un crecimiento suficiente en cualquier lugar y es difícil en algunas zonas proporcionar frutos frescos del mismo. Por ejemplo, para el cultivo del mismo en una zona en la que la temperatura ambiente es elevada, el marchitamiento de la estructura de la planta debido al calor ha sido un gran problema en el crecimiento de las plantas de tomate.

15 Ejemplos de una propuesta en el mejoramiento de plantas para resolver este problema incluyen el mejoramiento de un tomate que tiene un fenotipo de resistencia al calor excelente. Se incluye un vigor aumentado en la estructura de la planta, es decir, una combinación de una altura aumentada de la planta y un diámetro aumentado del tallo como uno de los fenotipos importantes de la misma.

20 La altura de la estructura de una planta se conoce que aumenta en el tomate sustituyendo valina en la posición 302 con ácido glutámico en la secuencia de aminoácidos de la proteína Della que tiene una función para prevenir el crecimiento de una planta (documento no patente 1). Sin embargo, como se ha divulgado que la altura de una estructura de la planta disminuye o aumenta en el arroz mediante una mutación introducida en otras zonas de la proteína Della, no es suficiente para un aumento en el vigor de la planta introducir simplemente una mutación en el gen DELLA (documentos no patentes 2 y 3).

25 Al mismo tiempo, el grosor de un tallo, que sujeta la propia planta, desempeña análogamente una función importante en la resistencia al calor de las plantas y el grosor de un tallo es un fenotipo útil contra el marchitamiento debido al calor. En el tomate, se han hecho varios informes sobre la relación entre las mutaciones génicas y la expresión de fenotipos, pero no se ha encontrado ninguna mutación relacionada con la expresión fenotípica de un diámetro aumentado del tallo.

Técnicas anteriores

Documentos no patentes

30 Documento no patente 1: Esther Carrera *et al.*, Plant Physiol. Noviembre 2012; 160 (3): 1581-96.

Documento no patente 2: Ko Hirano *et al.*, Plant Cell. Agosto 2010; 22 (8): 2680-96.

Documento no patente 3: Akira Ikeda *et al.*, Plant Cell. Mayo 2001; 13 (5): 999-1010.

Sumario de la invención

Problemas que van a ser resueltos mediante la invención

35 Una planta que porta de la mutación mostrada en el documento no patente 1 tiende a tener una altura aumentada de la planta y un diámetro disminuido del tallo y, por lo tanto, esta planta se considera que es vulnerable al marchitamiento de la planta debido al calor. Consecuentemente, hay una necesidad de una planta de tomate que tenga un diámetro aumentado de tallo como fenotipo en el cultivo de tomate en zonas de clima cálido.

40 Un objeto de la presente invención es proporcionar una planta, como el tomate, a la que se le ha conferido una resistencia al calor aumentando no solamente la altura de la planta sino también el diámetro del tallo.

Medios para resolver el problema

45 Los inventores han estudiado intensivamente para resolver el problema anteriormente descrito y, consecuentemente, encontraron que una planta a la que se confiere resistencia al calor y que tiene un diámetro aumentado del tallo, así como una altura aumentada de la planta, puede ser obtenida permitiendo que la planta tenga una proteína Della mutante que tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% con la SEC ID NO: 2, en la que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido.

Es decir, la presente invención proporciona lo siguiente:

[1] Una planta mutante que comprende una proteína Della mutante, en que la proteína Della mutante tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos un 90% con la SEC ID $\circ$: 2 en la que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido.

[2] La planta mutante según el apartado [1], en que dicho otro aminoácido es fenilalanina.

5 [3] La planta mutante según uno cualquiera de los apartados [1] o [2], en que la planta es una planta de la familia *Cucurbitaceae* o la familia *Solanaceae*.

[4] La planta mutante según uno cualquiera de los apartados [1] a [3], en que la planta es tomate.

[5] Una semilla obtenida a partir de la planta mutante según uno cualquiera de los apartados [1] a [4], en que la semilla comprende la proteína Della mutante.

10 [6] Un método para producir un producto alimenticio procesado, que comprende tratar la planta mutante según uno cualquiera de los apartados [1] a [4] como una materia prima en un producto alimenticio.

[7] Un método para producir la planta mutante, que comprende cultivar la semilla según el apartado [5].

15 [8] Un gen Della mutante que codifica una proteína, en que la proteína tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% con la SEC ID NO: 2 en que la leucina correspondiente a la posición de leucina 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido y tiene la función de aumentar la altura y el diámetro del tallo de una planta en comparación con una planta de tipo salvaje cuando la proteína es portada por una planta.

[9] El gen Della mutante según el apartado [8], en que dicho otro aminoácido es fenilalanina.

[10] Un vector recombinante que comprende el gen Della mutante según el apartado [8] o [9].

20 [11] Un método para producir una planta mutante, que comprende introducir el gen Della mutante según los apartados [8] o [9] en células de plantas para una transformación y cultivar una estructura de planta regenerada a partir de las células de plantas transformadas obtenidas.

[12] El método para producir una planta mutante según el apartado [11], en que el gen Della mutante es introducido por el vector recombinante según el apartado [10].

25 [13] El método para producir una planta mutante según los apartados [11] o [12], en que la planta es una planta de la familia *Cucurbitaceae* o la familia *Solanaceae*.

[14] El método para producir una planta mutante según los apartados [11] a [13], en que la planta es tomate.

[15] Un método para aumentar la altura y el diámetro de tallo de una planta en comparación con una planta de tipo salvaje, que comprende permitir que una planta produzca la proteína Della mutante según uno cualquiera de los apartados [1] o [2].

30 Efecto ventajoso de la invención

Según la presente invención, se obtiene una planta a la que se ha conferido no solamente un vigor aumentado sino también resistencia al calor. Además de ello, según la presente invención, esta planta exhibe significativamente más propiedades excelentes incluso en comparación con plantas mutantes existentes que expresan proteínas Della alteradas en la altura de la planta, número medio de frutos, frecuencia de malformaciones de frutos y contenido de licopeno, etc.

35

Breve descripción de los dibujos

La figura 1 es una fotografía de plantas de tomate mutantes (un nuevo mutante de la presente invención y el mutante *procera* conocido) y las plantas de tomate de tipo salvaje (MT-J, MT-B).

40 La figura 2 expone una visión del esquema de cultivo para comparar el crecimiento y la productividad bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano y la temperatura durante el período de cultivo.

La figura 3 muestra gráficos que indican la altura de la planta, el número de hojas en el tiempo de florecimiento y el diámetro del tallo en cada uno de WT, E2753 y *procera* bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano. Las diferentes letras "a", "b" y "c" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

45 La figura 4 muestra gráficos que indican el peso fresco de la parte de tierra, el peso de la raíz seca y el número total de flores por una planta individual en cada una de WT, E2753 y *procera* bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano. Las diferentes letras "a", "b" y "c" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

La figura 5 muestra gráficos que indican el rendimiento medio de frutos, el peso medio de frutos frescos y el número medio de frutos en cada una de WT, E2753 y *procera* bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano. Las diferentes letras "a", "b" y "c" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

- 5 La figura 6 muestra un gráfico que indica la tasa de producción de frutos en cada una de WT, E2753 y *procera* bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano. Las diferentes letras "a", "b" y "c" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

- 10 La figura 7 muestra gráficos que indican la frecuencia de frutos con semillas, la frecuencia de malformaciones de frutos y el peso fresco $\mu\text{g/g}$ en cada una de WT, E2753 y *procera* bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano. Las diferentes letras "a" y "b" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

La figura 8 muestra un gráfico que indica la sensibilidad a paclobutrazol en cada una de WT, E2753 y *procera*.

- 15 La figura 9 muestra un gráfico que indica el número medio de semillas por fruto en cada una de WT, E2753 y *procera*. Las diferentes letras "a" y "b" en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

Descripción detallada de la invención

- 20 La planta mutante de la presente invención es una planta mutante que tiene una proteína Della mutante en que la proteína Della mutante tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% con la SEC ID NO: 2 en que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEQ ID NO: 2 ha sido sustituida por otro aminoácido. La planta mutante de la presente invención tiene ventajas como una altura aumentada de la planta así como un diámetro aumentado del tallo con relación con el tipo salvaje al tener esta proteína Della mutante. En este caso, la altura de la planta en la planta mutante de la presente invención es preferentemente de no menos de 1,2 veces, más preferentemente de no menos de 2 veces más grande que en el tipo salvaje. Además, el diámetro del tallo en la planta mutante de la presente invención es preferentemente no menos de 1,2 veces, más preferentemente no menos de 2 veces más grande que en el tipo salvaje. La planta de la presente invención exhibe también preferentemente el carácter apomítico.

- 25 En la presente invención, en términos de las especies de plantas, es preferida una planta de la familia *Cucurbitaceae* o la familia *Solanaceae*. Ejemplos de la planta de la familia *Solanaceae* incluyen tomate, berenjena y patata y una planta preferida de la familia *Solanaceae* es el tomate. Ejemplos de la planta de la familia *Cucurbitaceae* incluyen cantalupo, pepino, melón y sandía.

Ejemplos de tomate incluyen *Lycopersicon esculentum* (también denominado *Solanum lycopersicum*, *Lycopersicon cerasiforme*, *Lycopersicon pimpinellifolium*, *Lycopersicon cheesmanii*, *Lycopersicon parviflorum*, *Lycopersicon chmielewskii*, *Lycopersicon hirsutum*, *Lycopersicon pennellii*, *Lycopersicon peruvianum*, *Lycopersicon chilense*, *Solanum lycopersicoides* y similares y un ejemplo preferido es *Lycopersicon esculentum*.

- 35 La proteína Della es un regulador negativo nuclear para la señalización de giberelina (Plant Cell Physiol (2010) 51 (11): 1854-1868).

Por ejemplo, como un ejemplo de la proteína Della en el tomate (*Lycopersicon esculentum*) está representado por la proteína que comprende la secuencia de aminoácidos de la SEC ID NO: 2.

- 40 Además, un ejemplo de la proteína Della en el pepino (*Cucumis sativus*) está representado por la proteína que comprende la secuencia de aminoácidos de la SEC ID NO: 4 o la SEC ID NO: 6.

La proteína Della mutante de la presente invención tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% respecto a la SEC ID NO: 2 en que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido.

- 45 En este caso, dicho otro aminoácido está representado preferentemente por aminoácidos aromáticos (fenilalanina, tirosina o triptófano) y, más preferentemente, por fenilalanina.

- Además, la proteína Della mutante puede contener la sustitución, supresión, inserción o adición de uno o varios aminoácidos en una posición o posiciones, excepto para la del aminoácido sustituido anteriormente descrito, en la medida en que la proteína mutante tenga la sustitución de aminoácido anteriormente descrita y una función para aumentar la altura de la planta y el diámetro del tallo en comparación con el tipo salvaje cuando la proteína es portada por una planta. En este caso, la expresión "uno o varios" se refiere preferentemente a un intervalo de 1 a 20, más preferentemente un intervalo de 1 a 10 y, de forma especialmente preferida, un intervalo de 1 a 5, aunque puede variar dependiendo de la posición del (o de los) residuo(s) de aminoácidos en la conformación de la proteína o el tipo de residuo(s) de aminoácidos.

La proteína Della mutante de la presente invención tiene una identidad que es no menor que 90%, preferentemente no menor que 95% y, especialmente, preferentemente no menor que 98% idéntica a la secuencia de aminoácidos de la SEC ID NO: 2, en la medida en que la proteína mutante tenga la sustitución de aminoácido anteriormente descrita y una función para aumentar la altura de la planta y el diámetro del tallo en comparación con el tipo salvaje cuando la proteína es portada por una planta.

Adicionalmente, en la presente invención, la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 se refiere a una posición en la secuencia de aminoácidos de la proteína Della de tomate de tipo salvaje representada por la SEC ID NO: 2. La posición de la leucina puede variar dependiendo de la supresión, inserción o adición de aminoácidos en una posición precedente a la posición 567. Por ejemplo, cuando es insertado un aminoácido en la región N-terminal, la leucina originalmente en la posición 567 es desplazada a la posición 568, pero en este caso se denomina como leucina correspondiente a la leucina en la posición 567.

Por ejemplo, en el caso de la proteína Della de pepino, como se puede ver en la alineación con la SEC ID NO: 2, la leucina en la posición 588 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID NO: 4 o la leucina en la posición 570 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEC ID NO: 6 es una leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 y esta leucina es sustituida por otro aminoácido como fenilalanina.

Adicionalmente, una proteína Della mutante de pepino puede tener una identidad por encima de un cierto nivel sobre la secuencia de longitud completa, es decir, puede ser no menos de 90%, preferentemente no menos de 95% y, de forma especialmente preferida, no menos de 98% idéntica a la secuencia de aminoácidos de la SEC ID NO: 4 o la SEC ID NO: 6, en la medida en que la proteína mutante tenga la mutación implicada y una función para aumentar la altura de la planta y el diámetro del tallo en comparación con el tipo salvaje cuando la proteína es portada por una planta.

Un gen que codifica una proteína Della mutante como se describe con anterioridad puede ser obtenido, por ejemplo, introduciendo una mutación en el ADN que codifica la proteína Della de tipo salvaje, de forma que la mutación provoca que se produzca la sustitución de aminoácidos anteriormente descrita en la proteína Della que codifica el mismo ADN. La mutación puede ser sistemáticamente introducida mediante la mutagénesis dirigida al sitio y similares. En primer lugar, como el ADN que codifica la proteína Della de tipo salvaje, por ejemplo, puede ser usado el ADN que codifica la proteína Della de tomate de tipo salvaje y que tiene la secuencia de nucleótidos representada por la SEC ID NO: 1 o el ADN que codifica la proteína Della de pepino de tipo salvaje y que tiene la secuencia de nucleótidos representada por la SEC ID NO: 3 o 5.

Estos ADN pueden ser obtenidos, por ejemplo, mediante PCR o mediante hibridación usando oligonucleótidos producidos basándose en la secuencia representada por la SEC ID NO: 1, 3 o 5.

La mutación que sustituye una leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 con fenilalanina no está particularmente limitada en la medida en que la mutación convierta el codón de la leucina en un codón de fenilalanina. Por ejemplo, esta mutación es representada por una mutación ilustrativa que cambia de C en T en la posición 1699 en la secuencia de nucleótidos de un gen que codifica la proteína Della de tomate de tipo salvaje y representada por la SEC ID NO: 1. Además, esta mutación es representada por una mutación ilustrativa que cambia de G en T o C en la posición 1764 en la secuencia de nucleótidos de un gen que codifica la proteína Della de pepino de tipo salvaje y representada por la SEC ID NO: 3 o la que cambia de C en T en la posición 1708 en la secuencia de nucleótidos de un gen que codifica la proteína Della de pepino de tipo salvaje y representada por la SEC ID NO: 5.

Además, un gen que codifica una proteína Della mutante puede ser una molécula de ADN que se hibridiza a una molécula de ADN que tiene la secuencia de nucleótidos de la SEC ID NO: 1 bajo condiciones restrictivas, en la medida en que el gen contenga la mutación implicada y codifique una proteína Della mutante que tenga una función para aumentar la altura de la planta y el diámetro del tallo en comparación con el tipo salvaje cuando el gen es portado por una planta. En este caso, la expresión "condiciones restrictivas" está representada por condiciones en las que se realiza un lavado a una concentración de sales y una temperatura correspondientes a las usadas en un experimento de hibridación Southern típico, es decir, a 60 °C en 0,1 x SSC, 0,1% de SDS, preferentemente a 68 °C en 0,1 x SSC, 0,1% de SDS y se realiza una vez, más preferentemente dos o tres veces.

Un gen Della mutante como se describe con anterioridad puede ser obtenido mediante una técnica de mutagénesis conocida en la técnica anterior. Ejemplos de la técnica de mutagénesis incluyen un método en el que el gen DELLA de tipo salvaje es tratado *in vitro* con hidroxilamina y similares; y un método en el que las plantas que portan el gen DELLA de tipo salvaje son irradiadas con radiaciones ultravioletas o tratadas con un mutagén como N-metil-N'-nitro-N-nitrosoguanidina (NTG) o ácido nitroso o EMS (metanosulfonato de etilo), que son mutagenes típicamente usados para la mutagénesis. Es suficiente analizar la secuencia del gen Della resultante después de la mutagénesis y confirmar que el gen porta la mutación (sustitución de aminoácidos).

La planta mutante de la presente invención puede ser una variante que porta la mutación anteriormente descrita como resultado de una mutagénesis, con la condición de que la planta mutante no se obtenga exclusivamente mediante un procedimiento esencialmente biológico. Además, la planta mutante de la presente invención puede ser

obtenida introduciendo artificialmente una secuencia de gen Della mutante, por ejemplo, sustituyendo la secuencia genómica con una secuencia mutante o sobreexpresando una secuencia mutante.

Para obtener una planta que porta un gen Della mutante mediante transformación, se usa preferentemente un vector recombinante que incluye el gen Della mutante anteriormente descrito (ADN).

- 5 El vector para introducir un gen Della mutante incluye preferentemente un promotor adecuado funcional en células de plantas y, preferentemente, un terminador. Ejemplos del promotor pueden incluir, pero sin limitación, el promotor 35S del virus mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor de actina o el promotor 1 β del factor de alargamiento del arroz, el promotor de ubiquitina o maíz y similares.

- 10 Para realizar la transformación de una planta como tomate con un vector recombinante, se pueden usar diversos métodos conocidos como un método de transformación de plantas, como la transformación mediada por agrobacterias, electroporación, transformación mediada por polietilenglicol, transformación mediada por liposomas, bombardeo por disparador de partículas y similares.

- 15 Cuando se realiza una transformación mediada por agrobacterias, puede ser usado un vector binario o vector intermedio que contiene el t-DNA (ADN de transferencia) derivado del plásmido Ti o plásmido Ri de una especie de *Agrobacterium* (Nucl. Acids Res. (1984) 12 (22): 8711-8721; Plasmid, (1982) 7, 15-29). El vector que va a ser usado puede portar un marcador de selección como resistencia a higromicina o resistencia a kanamicina. El vector "pBI121" que porta el promotor CaMV35S y el terminador NOS puede ser usado, por ejemplo, como un vector normalmente usado para la transformación de tomate.

- 20 Los protoplastos, células cultivadas, callos y tejidos, como raíz, tallo, hoja y semillas de una planta como el tomate pueden ser usados como un material para una transformación.

- 25 Cuando se usan protoplastos, la transformación se puede realizar mediante cocultivo o fusión de estos protoplastos con agrobacterias que portan un vector recombinante con o sin formación de esferoplastos. Cuando se usan células cultivadas, la transformación se puede realizar mediante cocultivo de esas células cultivadas con agrobacterias que portan un vector recombinante. Además, cuando se usa un tejido, la transformación se puede realizar mediante inmersión de una sección de una hoja en una suspensión de agrobacterias que portan un vector recombinante durante un cierto período de tiempo para permitir que el tejido se infecte con las agrobacterias, y un posterior cocultivo.

Una estructura de planta puede ser regenerada a partir de las células, callos o tejido transformados un método conocido de cultivo de tejidos conocido.

- 30 La planta así obtenida puede ser confirmada para portar un gen Della mutante mediante un método como secuenciado de genes, hibridación usando una sonda y similares.

Adicionalmente, el término "planta" en la presente invención incluye la totalidad de la estructura de la planta, un órgano, un tejido, un callo y células cultivadas.

- 35 Una vez que se ha obtenido una planta que porta la mutación, la planta mutante de la presente invención puede ser de plantas derivadas de semillas de la misma o puede ser de plantas obtenidas mediante un cruzado entre esas progenies y otras cepas. Es decir, una vez que se ha obtenido una planta que porta la mutación, la planta mutante de la presente invención puede incluir plantas en generaciones posteriores de la planta, la primera y posteriores plantas de la progenie derivadas del cruzado de esas plantas usadas como parental, y adicionalmente, plantas obtenidas cultivando células o tejidos de esas plantas, en la medida en que esas plantas tengan la mutación anteriormente descrita y características como una altura aumentada de la planta, un diámetro aumentado del tallo y una resistencia aumentada al calor, en comparación con el tipo salvaje. Esas plantas pueden incluir plantas poliploides como plantas diploides y tetraploides.

- 40 Además, la presente invención proporciona un método para producir una planta mutante, como un tomate mutante, comprendiendo el método el cultivo de una semilla que ha sido obtenida a partir de la planta mutante de la presente invención, como el tomate mutante, que tiene características como una altura aumentada de la planta, un diámetro aumentado del tallo y una resistencia aumentada al calor, en comparación con el tipo salvaje.

- 45 Además, se describe en la presente memoria descriptiva un método para producir un producto alimenticio procesado, usando el método como materia prima una planta mutante, como un tomate mutante, que tiene características como una altura aumentada de la planta, un diámetro aumentado del tallo y una resistencia aumentada al calor, en comparación con el tipo salvaje. Ejemplos de este producto incluyen, por ejemplo, productos calentados, zumos y extractos de frutos de una planta como tomate, y, adicionalmente, alimentos, aditivos alimenticios y similares, que contienen esos productos.
- 50

Ejemplos

Seguidamente, la presente invención se describirá específicamente por medio de ejemplos, pero no está limitada a los siguientes aspectos.

Obtención de un mutante

- 5 Se trataron semillas de tomate de tipo salvaje (el tipo salvaje Micro-Tom, MT-J) (M0) con EMS (metanosulfonato de etilo) a una concentración de 1,0%. Específicamente, para realizar el tratamiento con EMS, se absorbieron 3000 semillas del Micro-Tom de tipo salvaje (M0) en agua esterilizada a temperatura normal durante 8 horas y posteriormente se sumergieron en 100 ml de solución al 1,0% de EMS con agitación durante 16 horas. Se recuperaron semillas M1 mutagenizadas a partir de la solución de EMS y se lavaron en 100 ml de agua esterilizada con agitación durante 4 horas. Posteriormente esta etapa de lavado se repitió tres veces, las semillas M1 resultantes se secaron con aire durante varios días.

- 15 Se sembraron aproximadamente 2000 semillas de las semillas M1 secadas con aire y los plantones germinados se cultivaron en un invernadero. Se obtuvieron semillas M2 a partir de cada una de las aproximadamente 2000 plantas individuales M1 cultivadas. Análogamente se sembraron 10 semillas M2 cada una obtenida de las mismas plantas individuales M1 para cultivar plantas individuales M2.

De las plantas individuales M2 cultivadas, una línea que exhibía apomixis se aisló y se llamó mutante E2753.

Varias secuencias génicas se analizaron en este mutante E2753 y se encontró que el gen que codifica la proteína Della portaba una mutación que sustituía la leucina en la posición 567 en la proteína Della con fenilalanina (una mutación que cambiaba C por T en la posición 1699 en la secuencia de nucleótidos ID SEC NO: 1).

20 Ejemplo 1: Evaluación del carácter apomítico

Se cultivaron Micro-Tom (MT)-J, Micro-Tom (MT)-B, el mutante de la presente invención y un mutante conocido se cultivaron a partir de sus semillas y se evaluaron sus características apomíticas basándose en el número de flores en fructificación dividido por el número de flores con estambres suprimidos.

- 25 Los resultados se muestran en la tabla 1. Esto indicó que el mutante de la presente invención exhibió el carácter apomático a un nivel similar al del mutante conocido.

Tabla 1. Frecuencia de apomixis

	Nº de flores en fructificación/Nº de flores con estambres suprimidos (Velocidad de producción de frutos, %)
Micro-Tom (MT)-J	0/14 (0%)
Mutante de la presente invención ^a	15/20 (75%)
Micro-Tom (MT)-B	1/22 (5%)
Mutante conocido ^b	25/31 (81 %)

^a mutante E2753

- 30 ^b Mutante descrito en el documento no patente 1, en el que la valina en la posición 302 había sido sustituida con ácido glutámico (*procera*)

Seguidamente, se cultivaron Micro-Tom (MT)-J, Micro-Tom (MT)-B, el mutante de la presente invención y el mutante conocido a partir de sus semillas y se midieron la altura de la planta (la altura hasta la primera flor) y el diámetro del tallo 30 días después.

El resultado se muestra en la figura 1 y en la tabla 2.

35 Tabla 2

	Altura hasta la primera flor (cm)	Diámetro del tallo del quinto internudo (mm)
MT-J	5,0	3,9
E2753	8,7	5,4

	Altura hasta la primera flor (cm)	Diámetro del tallo del quinto internudo (mm)
MT-B	7,5	4,3
<i>procera</i>	11,9	4,0

Consecuentemente, el mutante que tenía la mutación, que sustituye la leucina en la posición 567 de la proteína Della con fenilalanina, se encontró que tenía una mayor altura de la planta y un mayor diámetro del tallo que el tipo salvaje. Como el carácter del diámetro aumentado del tallo no se observó en el mutante conocido, se encontró que la mutación L567F era una mutación muy útil.

Ejemplo 2: Comparación de crecimiento y la productividad bajo cultivo en invernadero en la mitad del verano

En un cultivo en invernadero en la mitad del verano, la polinización del tipo salvaje (WT) es inhibida mediante la tensión del calor de forma que el rendimiento está grandemente disminuido. Seguidamente, la influencia anteriormente descrita de la tensión por calor se evaluó en el mutante (E2753) que porta una mutación que sustituyó la leucina en la posición 567 de la proteína Della con fenilalanina y en el mutante (*procera*) que porta una mutación que sustituyó la valina en la posición 302 de la proteína Della con ácido glutámico. Las plantas M4 del mutante E2753 obtenidas en el ejemplo 1 anteriormente descrito se retrocruzaron con WT (Micro-Tom (MT)-B) y las plantas derivadas del mismo en la generación adecuada para el análisis se usaron como plantas mutantes E2753.

El cultivo en invernadero en la mitad del verano, que es un estado para tensión por calor, se realizó según un esquema en el que se plantaron plantas WT (Micro-Tom (MT) -B), E2753 y *procera* en junio y posteriormente se polinizaron aplicando vibración a las plantas aproximadamente tres veces por semana y se examinaron en cuanto al crecimiento, la productividad y similares a partir finales de agosto hasta comienzos de septiembre. Las plantas individuales en todas las líneas florecieron en la misma semana de julio. La síntesis del esquema de cultivo y la temperatura en el invernadero en el período desde la plantación hasta el examen se muestra en la figura 2.

Los resultados de la evaluación se muestran en las figuras 3 a 7 y en la tabla 3 siguiente.

Tabla 3

	WT	e2753	<i>procera</i>
Altura de la planta (cm)	11,8 ± 0,3 a	15,2 ± 0,5 b	17,9 ± 0,8 c
Número de hojas en el tiempo de floración (n)	8,0 ± 0,0 a	9,8 ± 0,4 b	9,3 ± 0,3 b
Diámetro del tallo (mm)	7,0 ± 0,1 a	7,5 ± 0,1 b	6,6 ± 0,2 a
Peso fresco de la parte de tierra (g)	46,1 ± 2,9 a	38,3 ± 2,2 a	27,7 ± 1,7 b
Peso de la raíz seca (g)	0,39 ± 0,06 a	0,27 ± 0,03 b	0,23 ± 0,02 b
Número total de flores por una planta individual (n)	95,0 ± 8,5 a	52,2 ± 5,5 b	23,5 ± 2,2 c
Rendimiento medio de frutos por una planta individual (g)	23,3 ± 5,1 a	69,0 ± 5,1 b	55,7 ± 8,3 b
Peso medio de fruto fresco (g)	5,9 ± 0,5 a	3,3 ± 0,3 b	3,8 ± 0,2 b
Número medio de frutos por una planta individual (n)	4,0 ± 1,0 a	19,6 ± 0,9 c	14,3 ± 2,2 b
Tasa de producción de s (%)	10,4 ± 3,3 a	51,8 ± 1,9 b	89,2 ± 5,8 c
Media ± error típico de cinco plantas de cada línea			
	WT	e2753	<i>procera</i>
Frecuencia de frutos con semillas (%) ¹	80,0	1,0	0,0
Frecuencia de malformación de frutos (%) ¹	0,0	5,1	15,4
Contenido de licopeno (µg/g de peso fresco) ²	54,0 ± 1,4 a	54,0 ± 0,4 a	27,3 ± 2,8 b
Contenido de β-caroteno (µg/g de peso fresco) ²	22,7 ± 2,2 a	24,8 ± 0,8 a	25,0 ± 1,0 a

Las diferentes letras (a, b y c) en la tabla indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

1: en frutos totales de 5 plantas individuales en cada línea (WT, 20; E2753, 98; *pro*, 71)

2: en 5 frutos

La altura de la planta en E2753 es mayor que en WT y más pequeña que en *procera* (figura 3). Como el alargamiento extensivo de la altura de la planta tiende a ser no deseado en el cultivo de un tomate común, el E2753 puede ser considerado que tiene una propiedad más excelente a este aspecto que el *procera*. El número de hojas en el tiempo de floración en E2753 fue más que en WT y menos que en *procera*, pero la diferencia de eso en *procera* no era significativa (figura 3). El diámetro del tallo en E2753 era mayor que en WT y *procera* (figura 3). El peso fresco de la parte de tierra en E2753 fue menor que en WT y más que en *procera*, pero no era una diferencia estadísticamente significativa con respecto a WT (figura 4). El peso de la raíz seca en E2753 era menor que en WT pero tanto como en *procera* (figura 4). El número de flores total por una planta individual en E2753 era más que en WT y más que en *procera* (figura 4). El rendimiento medio de frutos por una planta individual en E2753 era más que en WT y *procera* pero no era una diferencia significativa de la de *procera* (figura 5). El peso medio de frutos frescos en E2753 era menor que en WT y tanto como en *procera* (figura 5). El número medio de frutos por una planta individual en E2753 era significativamente más que en WT y *procera* (figura 5). Además, cuando la tasa de producción de frutos se calculó dividiendo el número de frutos que incluye los inmaduros por el número total de flores durante el período de cultivo, la tasa de producción de frutos en E2753 era mayor que en WT pero menor que en *procera* (figura 6). La frecuencia de frutos con semillas en E2753 era menor que en WT y tanto como en *procera* (figura 7). La frecuencia de malformación de frutos en E2753 era mayor que en WT, pero menor que en *procera* (figura 7). Además, la gravedad de la malformación en *procera* era mayor que en E2753. El contenido de licopeno incluido en E2753 era tanto como en WT y significativamente más que en *procera* (figura 7). Este resultado era congruente con los defectos de coloración en muchos frutos de *procera* durante la observación fenotípica de la apariencia de los frutos.

Como se describió anteriormente, E2753 exhibió propiedades significativamente excelentes en la altura de la planta, número medio de frutos, frecuencia de malformación de frutos y contenido de licopeno, etc., en comparación no solamente con WT sino también con *procera*.

Ejemplo 3: Evaluación de la sensibilidad a un inhibidor de la biosíntesis de giberelina

Se evaluó la sensibilidad a un inhibidor de biosíntesis de giberelina en WT (Micro-Tom (MT)-B), E2753 y *procera*. Se usaron las mismas plantas E2753 que en el ejemplo 2 como plantas mutantes E2753.

Dos días después del comienzo de la absorción, los tres tipos anteriormente descritos de plantas fueron transferidos a un medio MS que contenía un inhibidor de biosíntesis de giberelina, paclobutrazol (PAC) y se midió la longitud del tallo 10 días después.

El resultado de la medición se muestra en la figura 8. Como se muestra en la figura 8, la longitud del tallo en E2753 era mayor que en WT y más corta que en *procera*. Consecuentemente, se puede considerar que E2753 ha exhibido un nivel de sensibilidad inferior que en WT y mayor que en *procera*.

Los mutantes con pérdida de función de Della, que es un inhibidor para la trayectoria de señalización de giberelina, se considera que nos propensos a la inhibición de la biosíntesis de giberelina (ser menos sensible a PAC) porque la señalización de giberelina es constitutivamente activada en los mutantes como así como en *procera* y E2753. A partir del resultado anterior, se considera que E2753 es un mutante más adecuado para uso práctico en comparación con *procera* porque la mutación en este último provoca un fenotipo excesivamente fuerte, que es menos práctico, en contraste con la mutación en el primero, que provoca un fenotipo más suave.

Ejemplo 4: Comparación de la producción de semillas

La producción de semillas se comparó en WT (Micro-Tom (MT)-B), E2753 y *procera*. Se usaron las mismas plantas E2753 que en el ejemplo 2 como plantas mutantes E2753.

Los tres tipos descritos anteriormente de plantas se cultivaron en un recinto de cultivo (tiempo de día/tiempo de noche = 25 °C, 16 horas/20 °C, 8 horas) y 10 flores de cada una de las plantas fueron polinizadas depositando directamente polen sobre los estigmas y se determinó el número de semillas por fruto producido. El resultado se muestra en la figura 9 y en la tabla 4 siguiente.

Tabla 4

WT	43,1 ± 5,6 a
E2753	19,7 ± 5,1 a
<i>procera</i>	22,2 ± 4,6 b

Las diferentes letras “a” y “b” indican una diferencia significativa ($P < 0,05$) entre ellas en el ensayo t de Student.

La E2753 demostró un nivel de producción de semillas de aproximadamente la mitad de elevada que en WT y tan elevada como en *procera*.

LISTA DE SECUENCIAS

<110> UNIVERSITY OF TSUKUBA

<120> Planta mutante

<130> 24852-14333

<150> JP2013-231495

<151> 07-11-2013

<160> 6

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 1767

<212> ADN

<213> Solanum lycopersicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1764)

<400> 1

atg aag aga gat cga gat cga gat cga gaa aga gag aaa aga gca ttc	48
Met Lys Arg Asp Arg Asp Arg Asp Arg Glu Arg Glu Lys Arg Ala Phe	
1 5 10 15	
tct aat ggt gct gtt tct tca ggg aaa agt aag att tgg gaa gaa gat	96
Ser Asn Gly Ala Val Ser Ser Gly Lys Ser Lys Ile Trp Glu Glu Asp	
20 25 30	
gaa gaa gaa aaa cca gat gct gga atg gat gag ctt tta gct gtt ttg	144
Glu Glu Glu Lys Pro Asp Ala Gly Met Asp Glu Leu Leu Ala Val Leu	
35 40 45	
ggt tat aaa gtg aag tct tct gat atg gcg gat gtt gct caa aaa ctt	192
Gly Tyr Lys Val Lys Ser Ser Asp Met Ala Asp Val Ala Gln Lys Leu	
50 55 60	
gaa cag ctt gag atg gct atg ggt aca acg atg gaa gat ggt att act	240
Glu Gln Leu Glu Met Ala Met Gly Thr Thr Met Glu Asp Gly Ile Thr	
65 70 75 80	
cat ctt tct act gat acc gtt cat aaa aac cca tct gat atg gct ggt	288
His Leu Ser Thr Asp Thr Val His Lys Asn Pro Ser Asp Met Ala Gly	
85 90 95	
tgg gta caa agt atg tta tct tct att tct aca aac ttt gat atg tgt	336
Trp Val Gln Ser Met Leu Ser Ser Ile Ser Thr Asn Phe Asp Met Cys	
100 105 110	
aat cag gaa aac gat gtg ctt gta tct ggt tgt ggt tct tct tct tct	384
Asn Gln Glu Asn Asp Val Leu Val Ser Gly Cys Gly Ser Ser Ser Ser	
115 120 125	
ata atc gat ttc tca caa aat cat cga aca agt acc att tct gat gat	432
Ile Ile Asp Phe Ser Gln Asn His Arg Thr Ser Thr Ile Ser Asp Asp	
130 135 140	
gat tta aga gct ata cct ggt ggt gct gtt ttc aat tct gat agt aat	480
Asp Leu Arg Ala Ile Pro Gly Gly Ala Val Phe Asn Ser Asp Ser Asn	
145 150 155 160	
aaa aga cac aga tca aca act tct agt ttt tca act aca tcc tca tct	528
Lys Arg His Arg Ser Thr Thr Ser Ser Phe Ser Thr Thr Ser Ser Ser	
165 170 175	
atg gtg aca gat tca tca gca acg aga cct gtt gta cta gtt gat tca	576
Met Val Thr Asp Ser Ser Ala Thr Arg Pro Val Val Leu Val Asp Ser	
180 185 190	

ES 2 729 252 T3

caa gaa act ggg gtt cgt ctt gtt cat act tta atg gcg tgt gct gaa	624
Gln Glu Thr Gly Val Arg Leu Val His Thr Leu Met Ala Cys Ala Glu	
195 200 205	
gct gta caa caa gaa aat tta act tta gcg gat caa ctt gtt aga cat	672
Ala Val Gln Gln Glu Asn Leu Thr Leu Ala Asp Gln Leu Val Arg His	
210 215 220	
att ggt att ctt gcg gtt tca caa tct ggt gct atg aga aaa gtt gct	720
Ile Gly Ile Leu Ala Val Ser Gln Ser Gly Ala Met Arg Lys Val Ala	
225 230 235 240	
act tac ttt gct gaa gca tta gca aga aga atc tac aaa att tat cca	768
Thr Tyr Phe Ala Glu Ala Leu Ala Arg Arg Ile Tyr Lys Ile Tyr Pro	
245 250 255	
caa gat tca atg gaa tca tca tat aca gat gtt tta caa atg cat ttc	816
Gln Asp Ser Met Glu Ser Ser Tyr Thr Asp Val Leu Gln Met His Phe	
260 265 270	
tat gaa act tgc cct tat ctc aaa ttc gct cat ttt act gct aat caa	864
Tyr Glu Thr Cys Pro Tyr Leu Lys Phe Ala His Phe Thr Ala Asn Gln	
275 280 285	
gcc att ctt gaa gcg ttt aca ggt tgt aac aaa gtt cat gta att gat	912
Ala Ile Leu Glu Ala Phe Thr Gly Cys Asn Lys Val His Val Ile Asp	
290 295 300	
ttc agc tta aaa cag ggt atg caa tgg cct gca ctt atg caa gct tta	960
Phe Ser Leu Lys Gln Gly Met Gln Trp Pro Ala Leu Met Gln Ala Leu	
305 310 315 320	
gct tta cgc ccc ggt gga cct ccg gca ttt aga ctc acc gga atc gga	1008
Ala Leu Arg Pro Gly Gly Pro Pro Ala Phe Arg Leu Thr Gly Ile Gly	
325 330 335	
cct cca cag ccg gat aac aca gat gcc ttg caa caa gtt gga tgg aag	1056
Pro Pro Gln Pro Asp Asn Thr Asp Ala Leu Gln Gln Val Gly Trp Lys	
340 345 350	
ttg gct cag tta gcg gaa act att ggg gtt gaa ttt gaa ttc agg gga	1104
Leu Ala Gln Leu Ala Glu Thr Ile Gly Val Glu Phe Glu Phe Arg Gly	
355 360 365	
ttt gtt gct aat tcg tta gca gat ctt gat gcg act ata ctt gat ata	1152
Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala Asp Leu Asp Ala Thr Ile Leu Asp Ile	
370 375 380	
agg cca agt gaa act gaa gca gta gct ata aac tct gtt ttt gag ctt	1200
Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala Val Ala Ile Asn Ser Val Phe Glu Leu	
385 390 395 400	
cat cga ttg tta tcc ccg ccg gga gca att gaa aaa gtg ttg aac tct	1248
His Arg Leu Leu Ser Arg Pro Gly Ala Ile Glu Lys Val Leu Asn Ser	
405 410 415	
att aaa cag att aac ccg aag att gtt act ctt gtt gag caa gaa gcg	1296
Ile Lys Gln Ile Asn Pro Lys Ile Val Thr Leu Val Glu Gln Glu Ala	
420 425 430	
aat cat aac gca ggg gtt ttt att gat aga ttt aac gaa gct ttg cat	1344
Asn His Asn Ala Gly Val Phe Ile Asp Arg Phe Asn Glu Ala Leu His	
435 440 445	
tat tac tca acc atg ttt gat tcg tta gaa agc tct ggg tct tcg tct	1392
Tyr Tyr Ser Thr Met Phe Asp Ser Leu Glu Ser Ser Gly Ser Ser Ser	
450 455 460	
tca gct tca cca act ggg att ctt cct caa cct ccg gtg aac aat caa	1440
Ser Ala Ser Pro Thr Gly Ile Leu Pro Gln Pro Val Asn Asn Gln	
465 470 475 480	
gat ttg gtg atg tcg gag gtt tat tta ggg aga cag att tgt aac gtg	1488
Asp Leu Val Met Ser Glu Val Tyr Leu Gly Arg Gln Ile Cys Asn Val	
485 490 495	
gtg gct tgt gaa ggt tca gat cga gtt gaa cga cat gaa aca ctg aat	1536
Val Ala Cys Glu Gly Ser Asp Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Asn	
500 505 510	
caa tgg agg gtt agg atg aac tca tct ggg ttc gat ccg gtt cat ctg	1584
Gln Trp Arg Val Arg Met Asn Ser Ser Gly Phe Asp Pro Val His Leu	
515 520 525	

```

ggt tca aat gcg ttc aaa caa gct tcc atg ctt tta gct ctg ttc gcc      1632
Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln Ala Ser Met Leu Leu Ala Leu Phe Ala
  530                      535                      540

ggc ggc gat ggt tac agg gtg gaa gaa aac gat ggg tgt ctt atg ttg      1680
Gly Gly Asp Gly Tyr Arg Val Glu Glu Asn Asp Gly Cys Leu Met Leu
  545                      550                      555                      560

ggg tgg cat aca cgg cca ctt ata gct acc tcc gcc tgg aag cta ttg      1728
Gly Trp His Thr Arg Pro Leu Ile Ala Thr Ser Ala Trp Lys Leu Leu
                      565                      570                      575

ccg gac tcc ggc acc ggc gcc gga gaa gtc gag ttg taa      1767
Pro Asp Ser Gly Thr Gly Ala Gly Glu Val Glu Leu
                      580                      585

```

<210> 2

<211> 588

5 <212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 2

```

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

```

```

          340          345          350
Leu Ala Gln Leu Ala Glu Thr Ile Gly Val Glu Phe Glu Phe Arg Gly
          355          360          365
Phe Val Ala Asn Ser Leu Ala Asp Leu Asp Ala Thr Ile Leu Asp Ile
          370          375          380
Arg Pro Ser Glu Thr Glu Ala Val Ala Ile Asn Ser Val Phe Glu Leu
385          390          395          400
His Arg Leu Leu Ser Arg Pro Gly Ala Ile Glu Lys Val Leu Asn Ser
          405          410          415
Ile Lys Gln Ile Asn Pro Lys Ile Val Thr Leu Val Glu Gln Glu Ala
          420          425          430
Asn His Asn Ala Gly Val Phe Ile Asp Arg Phe Asn Glu Ala Leu His
          435          440          445
Tyr Tyr Ser Thr Met Phe Asp Ser Leu Glu Ser Ser Gly Ser Ser Ser
          450          455          460
Ser Ala Ser Pro Thr Gly Ile Leu Pro Gln Pro Pro Val Asn Asn Gln
465          470          475          480
Asp Leu Val Met Ser Glu Val Tyr Leu Gly Arg Gln Ile Cys Asn Val
          485          490          495
Val Ala Cys Glu Gly Ser Asp Arg Val Glu Arg His Glu Thr Leu Asn
          500          505          510
Gln Trp Arg Val Arg Met Asn Ser Ser Gly Phe Asp Pro Val His Leu
          515          520          525
Gly Ser Asn Ala Phe Lys Gln Ala Ser Met Leu Leu Ala Leu Phe Ala
530          535          540
Gly Gly Asp Gly Tyr Arg Val Glu Glu Asn Asp Gly Cys Leu Met Leu
545          550          555          560
Gly Trp His Thr Arg Pro Leu Ile Ala Thr Ser Ala Trp Lys Leu Leu
          565          570          575
Pro Asp Ser Gly Thr Gly Ala Gly Glu Val Glu Leu
          580          585

```

<210> 3
 <211> 1794
 5 <212> ADN
 <213> Cucumis sativus

<220>
 <221> CDS
 10 <222> (1)..(1791)

```

<400> 3
atg aag cgg gag ctt gaa gat gat aga tct act acc cct ggg gat gcc      48
Met Lys Arg Glu Leu Glu Asp Asp Arg Ser Thr Thr Pro Gly Asp Ala
1          5          10          15
ccg agg att gtg aag gga gat tct tct tca atg tcg tct gga aaa ctc      96
Pro Arg Ile Val Lys Gly Asp Ser Ser Ser Met Ser Ser Gly Lys Leu
          20          25          30
aag atg tgg cag ccc cat gag gag gac gag ggg aag gat gcc aaa gac      144
Lys Met Trp Gln Pro His Glu Glu Asp Glu Gly Lys Asp Ala Lys Asp
          35          40          45
ggc gcc gcc ggt gga atg gat gag ttg ctt gct gtt ttg ggt tac aag      192
Gly Ala Ala Gly Gly Met Asp Glu Leu Leu Ala Val Leu Gly Tyr Lys
          50          55          60
gtt cgc tcc tca gat atg gcg gat gtg gct ttg aag ttg gag cag ctt      240
Val Arg Ser Ser Asp Met Ala Asp Val Ala Leu Lys Leu Glu Gln Leu
          65          70          75          80
gag atg gtc atg gga act gct tac gaa cat ggg att tct cat ctc gct      288
Glu Met Val Met Gly Thr Ala Tyr Glu His Gly Ile Ser His Leu Ala
          85          90          95
tcc gat act gtt cat tat aat cct tct gat ctc tct tct tgg gtt caa      336

```

ES 2 729 252 T3

Ser	Asp	Thr	Val	His	Tyr	Asn	Pro	Ser	Asp	Leu	Ser	Ser	Trp	Val	Gln	
			100							105			110			
aat	atg	ctc	tct	gaa	ttc	aat	aat	tcc	act	aac	cat	ttt	aat	cct	ccc	384
Asn	Met	Leu	Ser	Glu	Phe	Asn	Asn	Ser	Thr	Asn	His	Phe	Asn	Pro	Pro	
		115					120					125				
cct	caa	tct	tct	ccc	tat	tcc	aat	tct	ccc	cac	ccc	att	caa	tct	acc	432
Pro	Gln	Ser	Ser	Pro	Tyr	Ser	Asn	Ser	Pro	His	Pro	Ile	Gln	Ser	Thr	
		130					135					140				
aaa	tct	tgt	ttc	tac	gac	gat	gat	tcg	gag	tac	gat	ctt	agt	gcc	att	480
Lys	Ser	Cys	Phe	Tyr	Asp	Asp	Asp	Ser	Glu	Tyr	Asp	Leu	Ser	Ala	Ile	
		145				150				155					160	
cct	ggc	gtt	gcg	gtt	tta	cct	cct	aaa	gat	gaa	acc	caa	act	aat	tct	528
Pro	Gly	Val	Ala	Val	Leu	Pro	Pro	Lys	Asp	Glu	Thr	Gln	Thr	Asn	Ser	
				165					170					175		
cgt	aag	cga	ttg	aag	att	gaa	aca	cag	agt	agt	tcg	gtt	aat	ttg	cta	576
Arg	Lys	Arg	Leu	Lys	Ile	Glu	Thr	Gln	Ser	Ser	Ser	Val	Asn	Leu	Leu	
			180						185				190			
cca	tcg	ccg	tcc	tcc	tct	tcg	cca	ccg	ttc	gct	tct	acg	ccg	agg	att	624
Pro	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Pro	Pro	Phe	Ala	Ser	Thr	Pro	Arg	Ile	
		195					200					205				
gcc	tct	gaa	tct	tcg	cgg	ccg	gtg	ata	gtt	gtg	gaa	gag	gat	tca	caa	672
Ala	Ser	Glu	Ser	Ser	Arg	Pro	Val	Ile	Val	Val	Glu	Glu	Asp	Ser	Gln	
		210				215					220					
gag	act	ggg	att	caa	ctt	gtt	cac	gct	cta	atg	gct	tgc	gct	gaa	gct	720
Glu	Thr	Gly	Ile	Gln	Leu	Val	His	Ala	Leu	Met	Ala	Cys	Ala	Glu	Ala	
		225			230				235					240		
gta	cag	caa	gag	aat	atg	aag	ctc	gcc	gat	gcg	ttg	gtg	aag	cac	atc	768
Val	Gln	Gln	Glu	Asn	Met	Lys	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Val	Lys	His	Ile	
			245					250					255			
gga	ttt	ctt	gca	acg	tct	caa	gcc	ggc	gct	atg	agg	aaa	gtc	gcc	acg	816
Gly	Phe	Leu	Ala	Thr	Ser	Gln	Ala	Gly	Ala	Met	Arg	Lys	Val	Ala	Thr	
		260					265					270				
tat	ttc	gct	caa	gcc	cta	gct	cgt	cgg	att	tac	aga	atc	tat	tct	cct	864
Tyr	Phe	Ala	Gln	Ala	Leu	Ala	Arg	Arg	Ile	Tyr	Arg	Ile	Tyr	Ser	Pro	
		275					280					285				
cag	gat	gga	cta	tac	tcc	tcc	tac	tcc	gat	cct	ctt	cag	atg	cac	ttt	912
Gln	Asp	Gly	Leu	Tyr	Ser	Ser	Tyr	Ser	Asp	Pro	Leu	Gln	Met	His	Phe	
		290				295					300					
tac	gaa	acc	tgt	ccg	tat	ctg	aaa	ttc	gcg	cat	ttc	act	gcc	aat	caa	960
Tyr	Glu	Thr	Cys	Pro	Tyr	Leu	Lys	Phe	Ala	His	Phe	Thr	Ala	Asn	Gln	
		305			310				315					320		
gcc	att	ctt	gaa	gcg	ttc	gcg	acg	gcg	gcg	aga	gtt	cat	gtc	atc	gat	1008
Ala	Ile	Leu	Glu	Ala	Phe	Ala	Thr	Ala	Ala	Arg	Val	His	Val	Ile	Asp	
			325					330					335			
ttc	agt	ctt	aat	caa	ggt	atg	caa	tgg	ccg	gcg	ctt	atg	cag	gca	ctc	1056
Phe	Ser	Leu	Asn	Gln	Gly	Met	Gln	Trp	Pro	Ala	Leu	Met	Gln	Ala	Leu	
		340					345					350				
gcg	ttg	cgg	cct	gga	ggt	cca	ccg	gcg	ttt	cga	ttg	act	gga	atc	ggc	1104
Ala	Leu	Arg	Pro	Gly	Gly	Pro	Pro	Ala	Phe	Arg	Leu	Thr	Gly	Ile	Gly	
		355				360						365				
ccg	ccg	cag	ccg	gta	aat	ggt	ggt	tcg	ttg	cag	caa	gtc	ggt	tggt	aag	1152
Pro	Pro	Gln	Pro	Val	Asn	Gly	Gly	Ser	Leu	Gln	Gln	Val	Gly	Trp	Lys	
		370				375						380				
tta	gcg	cag	atg	gca	gag	gcc	att	ggt	gtt	gat	ttc	gag	ttc	aat	cac	1200
Leu	Ala	Gln	Met	Ala	Glu	Ala	Ile	Gly	Val	Asp	Phe	Glu	Phe	Asn	His	
		385				390				395				400		
atc	gtg	tgt	agt	aat	cta	gcg	gat	ctg	gat	ccg	gcg	gct	ctt	gag	att	1248
Ile	Val	Cys	Ser	Asn	Leu	Ala	Asp	Leu	Asp	Pro	Ala	Ala	Leu	Glu	Ile	
			405					410					415			
cga	ccg	tcg	gca	gtg	gag	gcg	gtg	gcg	gta	aac	tcg	gtg	ttc	gat	ctg	1296
Arg	Pro	Ser	Ala	Val	Glu	Ala	Val	Ala	Val	Asn	Ser	Val	Phe	Asp	Leu	
			420					425					430			
cac	ccg	ttg	ttg	gct	cggt	cct	gga	gcg	att	gag	aag	gtt	ttg	gga	tcg	1344

His	Arg	Leu	Leu	Ala	Arg	Pro	Gly	Ala	Ile	Glu	Lys	Val	Leu	Gly	Ser		
		435					440					445					
ata	aag	acg	acg	aag	ccg	aag	ata	gta	acg	att	gtg	gaa	caa	gaa	gcg	1392	
Ile	Lys	Thr	Thr	Lys	Pro	Lys	Ile	Val	Thr	Ile	Val	Glu	Gln	Glu	Ala		
		450				455					460						
aac	cac	aac	ggt	ccg	att	ttc	ctg	gac	cgg	ttt	act	gag	gcg	ttg	cat	1440	
Asn	His	Asn	Gly	Pro	Ile	Phe	Leu	Asp	Arg	Phe	Thr	Glu	Ala	Leu	His		
		465			470					475					480		
tat	tac	tcg	aat	ctg	ttt	gac	tcg	ttg	gaa	ggg	tct	tcg	agc	ggg	ttc	1488	
Tyr	Tyr	Ser	Asn	Leu	Phe	Asp	Ser	Leu	Glu	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Phe		
			485						490					495			
gaa	ccg	gga	agt	gag	gac	gtg	ttg	ttg	tcg	gag	ggt	tat	tta	gga	aag	1536	
Glu	Pro	Gly	Ser	Glu	Asp	Val	Leu	Leu	Ser	Glu	Val	Tyr	Leu	Gly	Lys		
			500					505					510				
cag	ata	tgc	aac	gtg	gtg	gct	tgt	gaa	gga	acg	aac	cga	ggt	gag	agg	1584	
Gln	Ile	Cys	Asn	Val	Val	Ala	Cys	Glu	Gly	Thr	Asn	Arg	Val	Glu	Arg		
		515					520					525					
cac	gaa	tca	cta	agt	cag	tgg	cga	agt	agg	atg	gag	tcg	tcc	ggg	ttc	1632	
His	Glu	Ser	Leu	Ser	Gln	Trp	Arg	Ser	Arg	Met	Glu	Ser	Ser	Gly	Phe		
		530				535					540						
gat	ccg	gtc	cat	ctg	ggt	tca	aac	gcg	ttt	aaa	caa	gct	agt	atg	ctt	1680	
Asp	Pro	Val	His	Leu	Gly	Ser	Asn	Ala	Phe	Lys	Gln	Ala	Ser	Met	Leu		
					550				555						560		
ttg	gcc	ctc	ttt	gca	gga	gga	gaa	ggg	tac	agg	gtg	gaa	gag	aat	aat	1728	
Leu	Ala	Leu	Phe	Ala	Gly	Gly	Glu	Gly	Tyr	Arg	Val	Glu	Glu	Asn	Asn		
				565					570					575			
ggg	tgt	tta	atg	ctt	ggc	tgg	cac	act	aga	ccg	ttg	atc	gcg	agt	cga	1776	
Gly	Cys	Leu	Met	Leu	Gly	Trp	His	Thr	Arg	Pro	Leu	Ile	Ala	Ser	Arg		
			580					585					590				
agt	gag	tgg	act	ctg	tga											1794	
Ser	Glu	Trp	Thr	Leu													
				595													

<210> 4
 <211> 597
 <212> PRT
 <213> Cucumis sativus

<400> 4
 Met Lys Arg Glu Leu Glu Asp Asp Arg Ser Thr Thr Pro Gly Asp Ala
 1 5 10 15
 Pro Arg Ile Val Lys Gly Asp Ser Ser Ser Met Ser Ser Gly Lys Leu
 20 25 30
 Lys Met Trp Gln Pro His Glu Glu Asp Glu Gly Lys Asp Ala Lys Asp
 35 40 45
 Gly Ala Ala Gly Gly Met Asp Glu Leu Leu Ala Val Leu Gly Tyr Lys
 50 55 60
 Val Arg Ser Ser Asp Met Ala Asp Val Ala Leu Lys Leu Glu Gln Leu
 65 70 75 80
 Glu Met Val Met Gly Thr Ala Tyr Glu His Gly Ile Ser His Leu Ala
 85 90 95
 Ser Asp Thr Val His Tyr Asn Pro Ser Asp Leu Ser Ser Trp Val Gln
 100 105 110
 Asn Met Leu Ser Glu Phe Asn Asn Ser Thr Asn His Phe Asn Pro Pro
 115 120 125
 Pro Gln Ser Ser Pro Tyr Ser Asn Ser Pro His Pro Ile Gln Ser Thr
 130 135 140
 Lys Ser Cys Phe Tyr Asp Asp Asp Ser Glu Tyr Asp Leu Ser Ala Ile
 145 150 155 160
 Pro Gly Val Ala Val Leu Pro Pro Lys Asp Glu Thr Gln Thr Asn Ser
 165 170 175
 Arg Lys Arg Leu Lys Ile Glu Thr Gln Ser Ser Ser Val Asn Leu Leu

			180				185				190					
Pro	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Pro	Pro	Phe	Ala	Ser	Thr	Pro	Arg	Ile	
			195				200				205					
Ala	Ser	Glu	Ser	Ser	Arg	Pro	Val	Ile	Val	Val	Glu	Glu	Asp	Ser	Gln	
			210				215				220					
Glu	Thr	Gly	Ile	Gln	Leu	Val	His	Ala	Leu	Met	Ala	Cys	Ala	Glu	Ala	
225				230				235				240				
Val	Gln	Gln	Glu	Asn	Met	Lys	Leu	Ala	Asp	Ala	Leu	Val	Lys	His	Ile	
			245				250				255					
Gly	Phe	Leu	Ala	Thr	Ser	Gln	Ala	Gly	Ala	Met	Arg	Lys	Val	Ala	Thr	
			260				265				270					
Tyr	Phe	Ala	Gln	Ala	Leu	Ala	Arg	Arg	Ile	Tyr	Arg	Ile	Tyr	Ser	Pro	
			275				280				285					
Gln	Asp	Gly	Leu	Tyr	Ser	Ser	Tyr	Ser	Asp	Pro	Leu	Gln	Met	His	Phe	
			290				295				300					
Tyr	Glu	Thr	Cys	Pro	Tyr	Leu	Lys	Phe	Ala	His	Phe	Thr	Ala	Asn	Gln	
305				310				315				320				
Ala	Ile	Leu	Glu	Ala	Phe	Ala	Thr	Ala	Ala	Arg	Val	His	Val	Ile	Asp	
			325				330				335					
Phe	Ser	Leu	Asn	Gln	Gly	Met	Gln	Trp	Pro	Ala	Leu	Met	Gln	Ala	Leu	
			340				345				350					
Ala	Leu	Arg	Pro	Gly	Gly	Pro	Pro	Ala	Phe	Arg	Leu	Thr	Gly	Ile	Gly	
			355				360				365					
Pro	Pro	Gln	Pro	Val	Asn	Gly	Gly	Ser	Leu	Gln	Gln	Val	Gly	Trp	Lys	
			370				375				380					
Leu	Ala	Gln	Met	Ala	Glu	Ala	Ile	Gly	Val	Asp	Phe	Glu	Phe	Asn	His	
385				390				395				400				
Ile	Val	Cys	Ser	Asn	Leu	Ala	Asp	Leu	Asp	Pro	Ala	Ala	Leu	Glu	Ile	
			405				410				415					
Arg	Pro	Ser	Ala	Val	Glu	Ala	Val	Ala	Val	Asn	Ser	Val	Phe	Asp	Leu	
			420				425				430					
His	Arg	Leu	Leu	Ala	Arg	Pro	Gly	Ala	Ile	Glu	Lys	Val	Leu	Gly	Ser	
			435				440				445					
Ile	Lys	Thr	Thr	Lys	Pro	Lys	Ile	Val	Thr	Ile	Val	Glu	Gln	Glu	Ala	
			450				455				460					
Asn	His	Asn	Gly	Pro	Ile	Phe	Leu	Asp	Arg	Phe	Thr	Glu	Ala	Leu	His	
465				470				475				480				
Tyr	Tyr	Ser	Asn	Leu	Phe	Asp	Ser	Leu	Glu	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Phe	
			485				490				495					
Glu	Pro	Gly	Ser	Glu	Asp	Val	Leu	Leu	Ser	Glu	Val	Tyr	Leu	Gly	Lys	
			500				505				510					
Gln	Ile	Cys	Asn	Val	Val	Ala	Cys	Glu	Gly	Thr	Asn	Arg	Val	Glu	Arg	
			515				520				525					
His	Glu	Ser	Leu	Ser	Gln	Trp	Arg	Ser	Arg	Met	Glu	Ser	Ser	Gly	Phe	
			530				535				540					
Asp	Pro	Val	His	Leu	Gly	Ser	Asn	Ala	Phe	Lys	Gln	Ala	Ser	Met	Leu	
545				550				555				560				
Leu	Ala	Leu	Phe	Ala	Gly	Gly	Glu	Gly	Tyr	Arg	Val	Glu	Glu	Asn	Asn	
			565				570				575					
Gly	Cys	Leu	Met	Leu	Gly	Trp	His	Thr	Arg	Pro	Leu	Ile	Ala	Ser	Arg	
			580				585				590					
Ser	Glu	Trp	Thr	Leu												
			595													

<210> 5
<211> 1761
<212> ADN
<213> Cucumis sativus

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1758)

<400> 5

ES 2 729 252 T3

atg aag agg gag cat cac cat ctt cat cca cgt ccg gag ccg cct tcc	48
Met Lys Arg Glu His His His Leu His Pro Arg Pro Glu Pro Pro Ser	
1 5 10 15	
atg gct gtc gtc cct aat ggg gag agt ttt ttg aat acc ggt aag gct	96
Met Ala Val Val Pro Asn Gly Glu Ser Phe Leu Asn Thr Gly Lys Ala	
20 25 30	
aag ctc tgg gaa gag gaa gcc cag ctc gat gga gga atg gat gag ctt	144
Lys Leu Trp Glu Glu Glu Ala Gln Leu Asp Gly Gly Met Asp Glu Leu	
35 40 45	
ctt gct gtt ttg ggt tat aag gtt aag tcc tcg gac atg gcg gat gtt	192
Leu Ala Val Leu Gly Tyr Lys Val Lys Ser Ser Asp Met Ala Asp Val	
50 55 60	
gct cag aag ctt gaa caa ctt gaa gaa gct atg tgt caa gtt cag gat	240
Ala Gln Lys Leu Glu Gln Leu Glu Glu Ala Met Cys Gln Val Gln Asp	
65 70 75 80	
act ggt ctt tct cat ctt gct ttt gat act gtt cat tat aat cct tct	288
Thr Gly Leu Ser His Leu Ala Phe Asp Thr Val His Tyr Asn Pro Ser	
85 90 95	
gat ctg tct act tgg ctt gaa agt atg ctc acc gag ctc cat ccg atg	336
Asp Leu Ser Thr Trp Leu Glu Ser Met Leu Thr Glu Leu His Pro Met	
100 105 110	
cct aat ttt gcg acg ccg cca cct cct tcg cag ctg gac gat cct tcg	384
Pro Asn Phe Ala Thr Pro Pro Pro Pro Ser Gln Leu Asp Asp Pro Ser	
115 120 125	
ttt tta gct ccg gcg gaa tcc tcc acc atc act tcc att gat tat gac	432
Phe Leu Ala Pro Ala Glu Ser Ser Thr Ile Thr Ser Ile Asp Tyr Asp	
130 135 140	
cct cag ccg caa act agc agc ccg att ttc gag gaa tct tct agt tct	480
Pro Gln Arg Gln Thr Ser Ser Arg Ile Phe Glu Glu Ser Ser Ser Ser	
145 150 155 160	
gat tac gac ctt aaa gct atc acg agc agt gcg att tat tca ccg aga	528
Asp Tyr Asp Leu Lys Ala Ile Thr Ser Ser Ala Ile Tyr Ser Pro Arg	
165 170 175	
gag aat aaa cgt ttg aaa tct tcc gag tcg gac tca gat gtg ttc tct	576
Glu Asn Lys Arg Leu Lys Ser Ser Glu Ser Asp Ser Asp Val Phe Ser	
180 185 190	
acc tcg gcg att agg gct tcc gat tct gta act cgt cct gtc gtc ctc	624
Thr Ser Ala Ile Arg Ala Ser Asp Ser Val Thr Arg Pro Val Val Leu	
195 200 205	
gtc gat tcg cag gag aac gga att caa ctg gtc cat gcg ttg atg gct	672
Val Asp Ser Gln Glu Asn Gly Ile Gln Leu Val His Ala Leu Met Ala	
210 215 220	
tgc gcc gaa gcc gta cag cag aac aat ctg aat ata gcg gag gct ctg	720
Cys Ala Glu Ala Val Gln Gln Asn Asn Leu Asn Ile Ala Glu Ala Leu	
225 230 235 240	
gtg aag cga atc ggt tac ttg gcg gtt tct caa gca gga gcg atg agg	768
Val Lys Arg Ile Gly Tyr Leu Ala Val Ser Gln Ala Gly Ala Met Arg	
245 250 255	
aag gtc gcc acg ttc ttc gct gaa gcg ttg gct cgc cga atc tac agg	816
Lys Val Ala Thr Phe Phe Ala Glu Ala Leu Ala Arg Arg Ile Tyr Arg	
260 265 270	
ctc tgc cct gag aat ccc ctc gat cat tca gtg tcc gat agg ctt cag	864
Leu Cys Pro Glu Asn Pro Leu Asp His Ser Val Ser Asp Arg Leu Gln	
275 280 285	
atg cat ttc tac gag agc tgt ccc tat ctg aaa ttc gcg cat ttc acc	912
Met His Phe Tyr Glu Ser Cys Pro Tyr Leu Lys Phe Ala His Phe Thr	
290 295 300	
gcg aat caa gcg att ctc gaa gct ttc gaa ggg aag aaa cgt gtt cac	960
Ala Asn Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Glu Gly Lys Lys Arg Val His	
305 310 315 320	
gta atc gat ttc tcg atg aac cga ggg atg caa tgg cca gct ctg att	1008

Val	Ile	Asp	Phe	Ser	Met	Asn	Arg	Gly	Met	Gln	Trp	Pro	Ala	Leu	Ile		
				325					330					335			
caa	gcc	cta	gct	cta	cgg	ccg	aac	ggt	cct	cca	gcc	ttc	cgc	ctc	acc	1056	
Gln	Ala	Leu	Ala	Leu	Arg	Pro	Asn	Gly	Pro	Pro	Ala	Phe	Arg	Leu	Thr		
				340				345					350				
ggg	att	ggt	cct	ccg	gcg	ccg	gat	aac	tca	gat	tac	ctc	caa	gaa	gta	1104	
Gly	Ile	Gly	Pro	Pro	Ala	Pro	Asp	Asn	Ser	Asp	Tyr	Leu	Gln	Glu	Val		
				355				360				365					
ggc	tgg	aaa	ctg	gct	gaa	tta	gcc	gaa	gct	atc	cat	gtg	gac	ttc	gaa	1152	
Gly	Trp	Lys	Leu	Ala	Glu	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	His	Val	Asp	Phe	Glu		
				370				375				380					
tac	aga	gga	ttt	gtg	gcg	aat	agt	tta	gca	gat	cta	gac	gcg	tcg	atg	1200	
Tyr	Arg	Gly	Phe	Val	Ala	Asn	Ser	Leu	Ala	Asp	Leu	Asp	Ala	Ser	Met		
					390					395					400		
ctg	gag	ctc	cga	ccg	agc	gag	gtt	gaa	tcg	gtg	gtg	gtg	aac	tca	gta	1248	
Leu	Glu	Leu	Arg	Pro	Ser	Glu	Val	Glu	Ser	Val	Val	Val	Asn	Ser	Val		
				405					410					415			
ttc	gag	tta	cat	aag	ctc	ctg	gct	cgg	cct	ggt	gcc	ctg	gaa	aag	gtt	1296	
Phe	Glu	Leu	His	Lys	Leu	Leu	Ala	Arg	Pro	Gly	Ala	Leu	Glu	Lys	Val		
				420				425					430				
ctg	tcg	gtg	gtg	aaa	cag	atg	aag	ccg	gag	atc	atg	acg	gtg	gtg	gag	1344	
Leu	Ser	Val	Val	Lys	Gln	Met	Lys	Pro	Glu	Ile	Met	Thr	Val	Val	Glu		
				435				440				445					
caa	gaa	gcg	aat	cac	aac	ggt	ccg	gta	ttc	gtg	gac	cgg	ttc	act	gag	1392	
Gln	Glu	Ala	Asn	His	Asn	Gly	Pro	Val	Phe	Val	Asp	Arg	Phe	Thr	Glu		
						455					460						
tca	ctc	cat	tac	tac	tca	acg	ctt	ttt	gac	tcg	ttg	gaa	ggc	tcc	ccc	1440	
Ser	Leu	His	Tyr	Tyr	Ser	Thr	Leu	Phe	Asp	Ser	Leu	Glu	Gly	Ser	Pro		
					470				475						480		
aac	aac	cag	gat	aaa	atc	atg	tcc	gaa	atg	tac	ctt	gga	aag	caa	att	1488	
Asn	Asn	Gln	Asp	Lys	Ile	Met	Ser	Glu	Met	Tyr	Leu	Gly	Lys	Gln	Ile		
				485					490					495			
tgc	aac	gtc	gtg	gct	tgt	gaa	ggt	gcc	gac	cgt	gtc	gaa	cgc	cac	gag	1536	
Cys	Asn	Val	Val	Ala	Cys	Glu	Gly	Ala	Asp	Arg	Val	Glu	Arg	His	Glu		
				500				505					510				
acc	tta	act	cag	tgg	caa	act	cgg	tta	tcc	tcc	gcc	ggg	ttc	gaa	ccc	1584	
Thr	Leu	Thr	Gln	Trp	Gln	Thr	Arg	Leu	Ser	Ser	Ala	Gly	Phe	Glu	Pro		
				515				520				525					
atc	cac	ctc	ggc	tca	aac	gca	ttc	aaa	caa	gca	agc	atg	ctc	ctc	gcc	1632	
Ile	His	Leu	Gly	Ser	Asn	Ala	Phe	Lys	Gln	Ala	Ser	Met	Leu	Leu	Ala		
				530				535				540					
cta	ttc	ggc	agt	gga	gag	ggg	tac	cgg	gtg	gaa	gag	aac	aac	gga	tca	1680	
Leu	Phe	Gly	Ser	Gly	Glu	Gly	Tyr	Arg	Val	Glu	Glu	Asn	Asn	Gly	Ser		
					550					555					560		
cta	atg	cta	gga	tgg	cac	act	cgc	cca	ctc	ata	gcc	acc	tcc	gct	tgg	1728	
Leu	Met	Leu	Gly	Trp	His	Thr	Arg	Pro	Leu	Ile	Ala	Thr	Ser	Ala	Trp		
				565					570					575			
aaa	atc	ggc	aac	aac	ccg	gtg	gtc	gct	aag	tga						1761	
Lys	Ile	Gly	Asn	Asn	Pro	Val	Val	Ala	Lys								
				580				585									

<210> 6
 <211> 586
 <212> PRT
 <213> Cucumis sativus

<400> 6
 Met Lys Arg Glu His His His Leu His Pro Arg Pro Glu Pro Pro Ser
 1 5 10 15
 Met Ala Val Val Pro Asn Gly Glu Ser Phe Leu Asn Thr Gly Lys Ala
 20 25 30
 Lys Leu Trp Glu Glu Glu Ala Gln Leu Asp Gly Gly Met Asp Glu Leu

ES 2 729 252 T3

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

REIVINDICACIONES

1. Una planta mutante que comprende una proteína Della mutante, en que la proteína Della mutante tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% respecto a la SEC ID NO: 2 en la que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido, en que la planta tiene una altura y un diámetro de tallo aumentados en comparación con una planta de tipo salvaje, y en que la planta mutante no es obtenida exclusivamente mediante un procedimiento esencialmente biológico.
2. La planta mutante según la reivindicación 1, en que dicho otro aminoácido es fenilalanina.
3. La planta mutante según la reivindicación 1 o 2, en la que la planta es una planta de la familia *Cucurbitaceae* o la familia *Solanaceae*.
4. La planta mutante según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en que la planta es tomate.
5. Una semilla obtenida a partir de la planta mutante según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en que la semilla comprende la proteína Della mutante.
6. Un método para preparar un producto alimenticio procesado, que comprende tratar la planta mutante según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4 como una materia prima en un producto alimenticio.
7. Un método para producir la planta mutante, que comprende cultivar la semilla según la reivindicación 5.
8. Un gen Della mutante que codifica una proteína, en que la proteína tiene una secuencia de aminoácidos que tiene una identidad de al menos 90% respecto a la SEC ID NO: 2 en que la leucina correspondiente a la leucina en la posición 567 en la SEC ID NO: 2 ha sido sustituida con otro aminoácido y tiene la función para aumentar la altura y el diámetro del tallo de una planta en comparación con una planta de tipo salvaje cuando la proteína es portada por una planta.
9. El gen Della mutante según la reivindicación 8, en el que dicho otro aminoácido es fenilalanina.
10. Un vector recombinante, que comprende el gen Della mutante según la reivindicación 8 o 9.
11. Un método para producir una planta mutante, que comprende introducir el gen Della mutante según la reivindicación 8 o 9 en células de la planta para la transformación, y cultivar una estructura de planta regenerada a partir de las células de plantas transformadas obtenidas.
12. El método para producir una planta mutante según la reivindicación 11, en que el gen Della mutante es introducido mediante el vector recombinante según la reivindicación 10.
13. El método para producir una planta mutante según la reivindicación 11 o 12, en que la planta es una planta de la familia *Cucurbitaceae* o la familia *Solanaceae*, preferentemente tomate.
14. Un método para aumentar la altura y el diámetro del tallo de una planta en comparación con la planta de tipo salvaje, que comprende permitir que una planta produzca la proteína Della mutante según la reivindicación 1 o 2.

Fig. 1

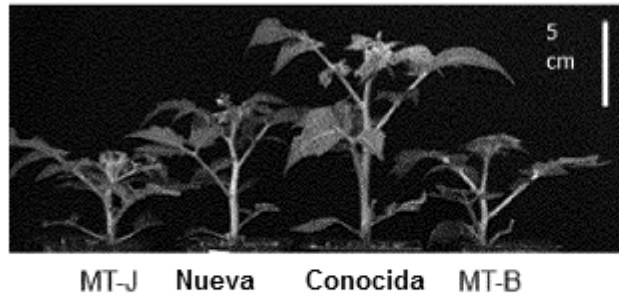


Fig. 2

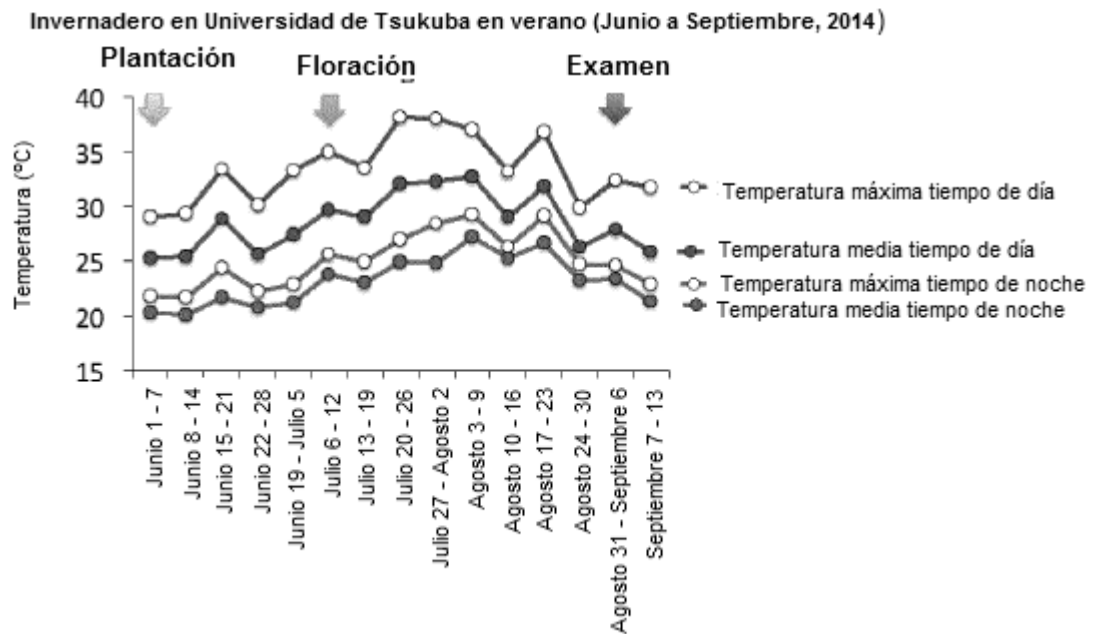


Fig. 3

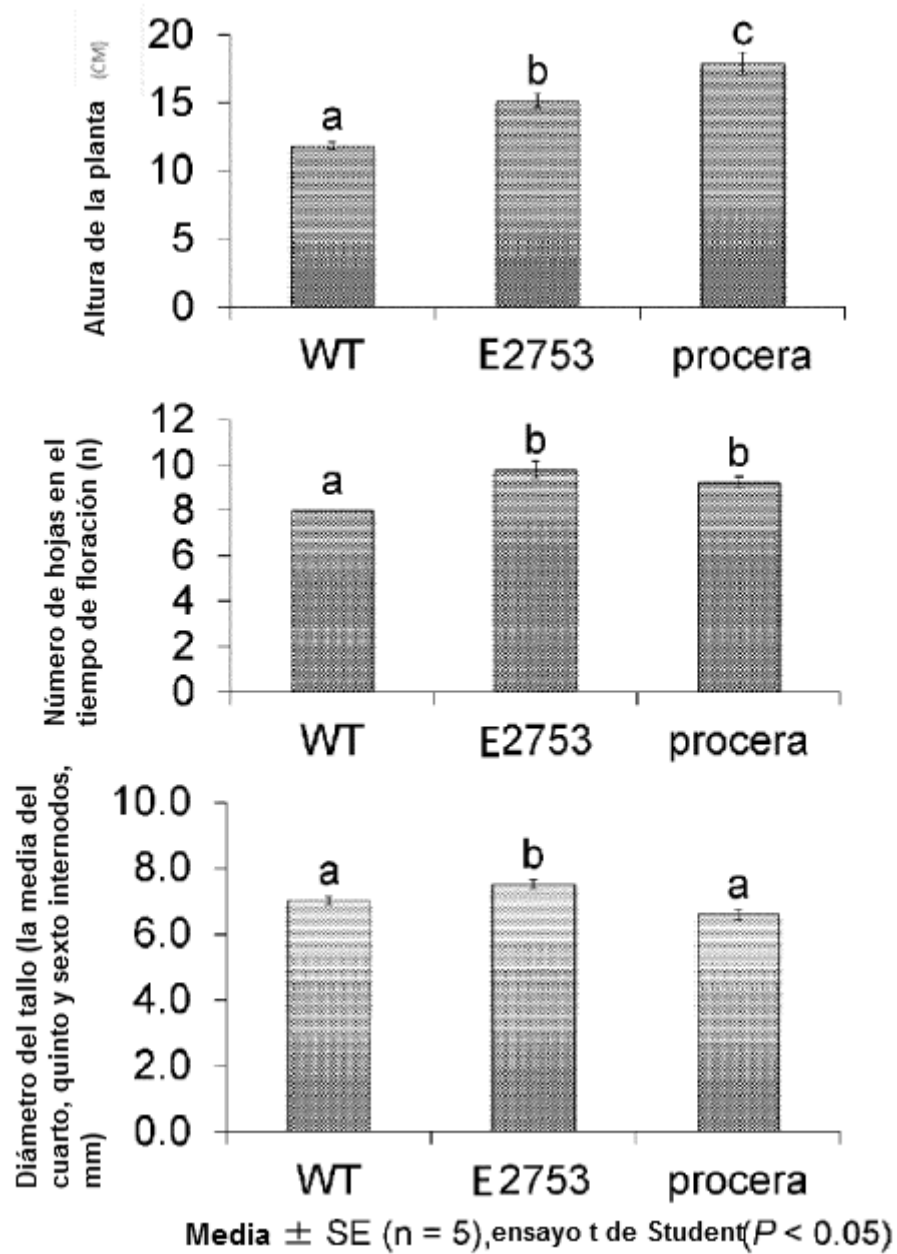
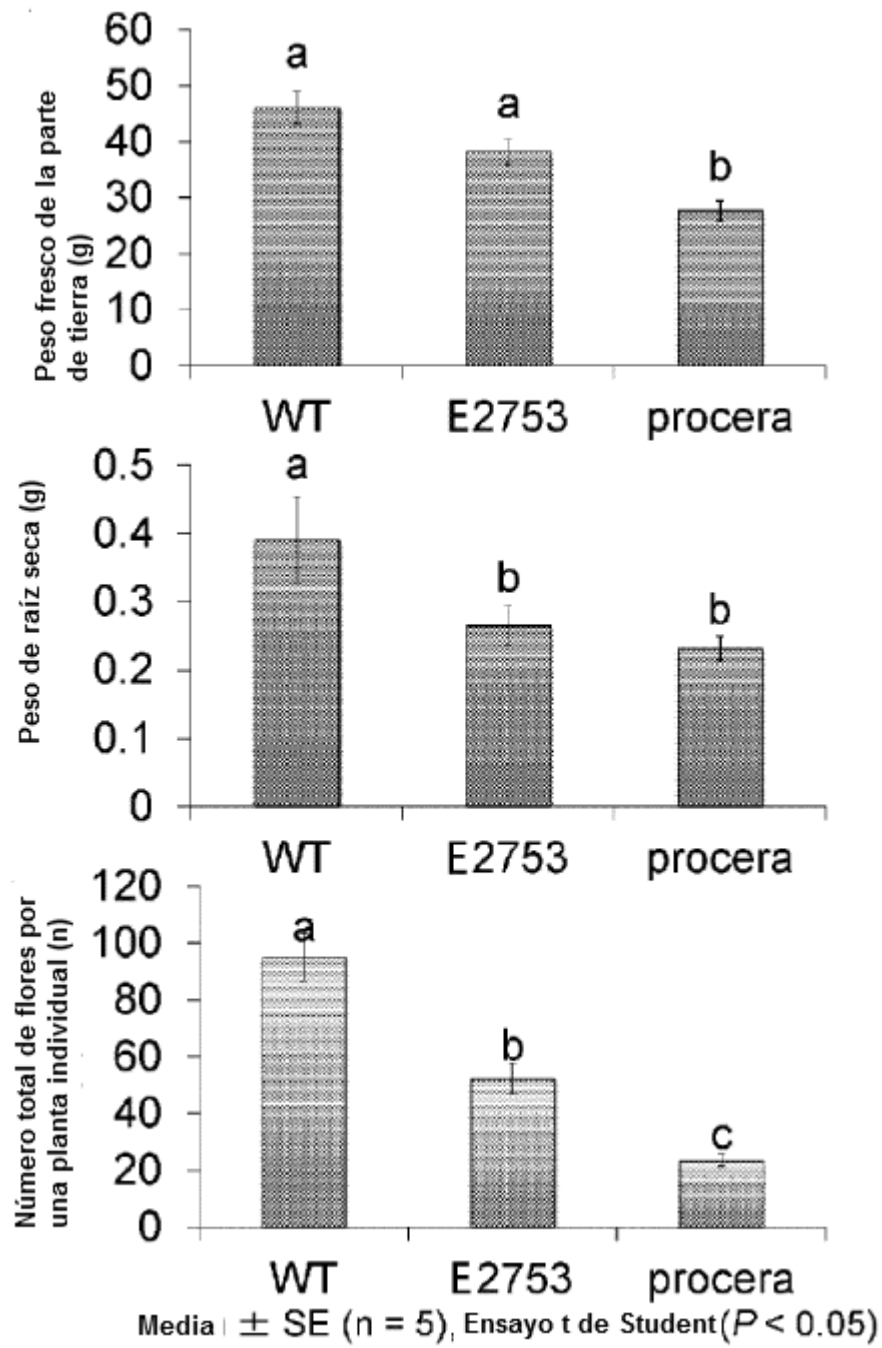


Fig. 4



Fia. 5

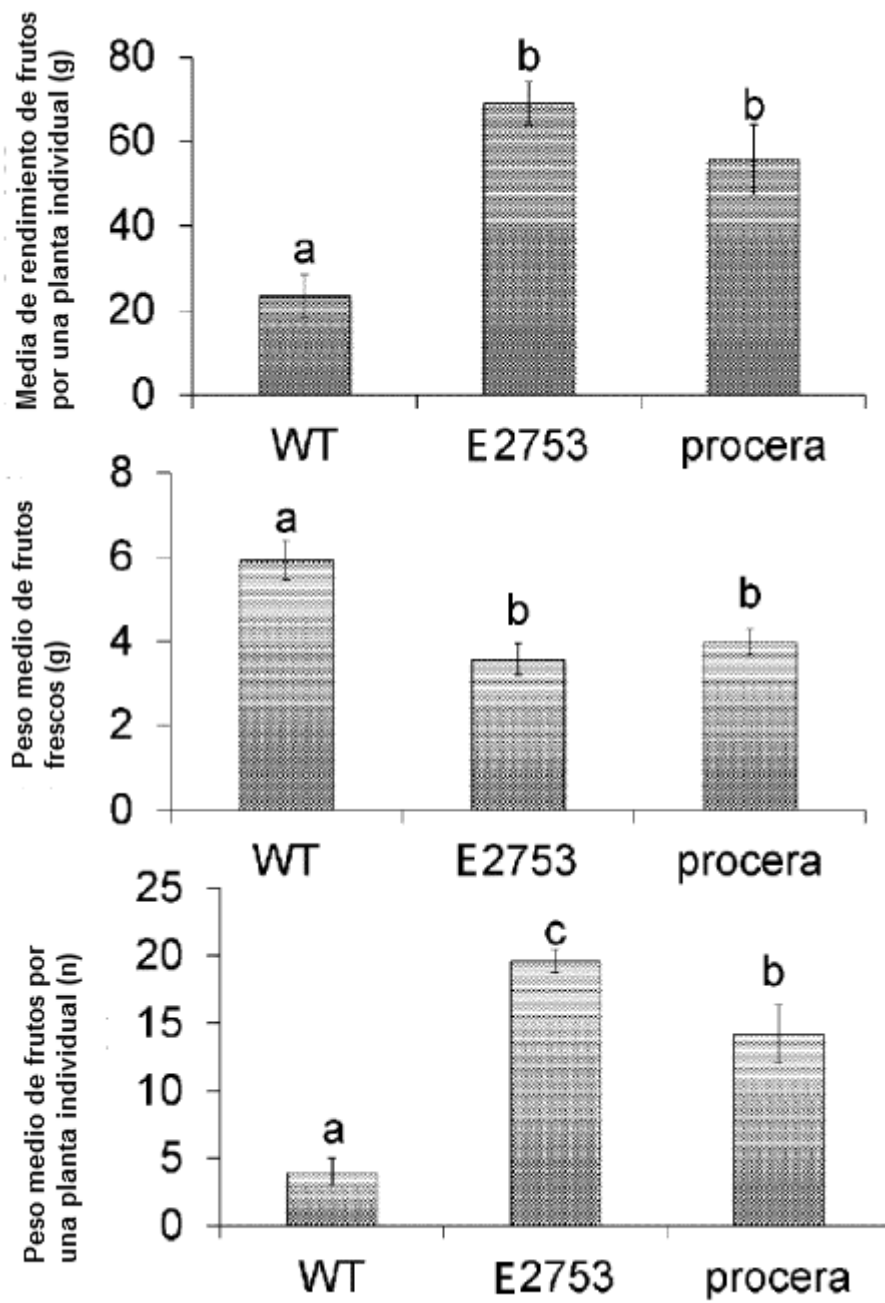


Fig. 6

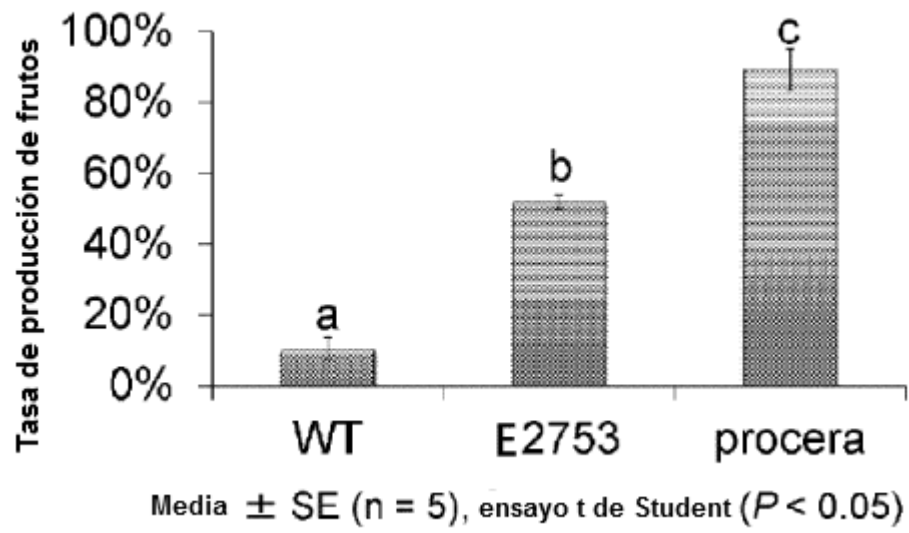


Fig. 7

n = número de frutos

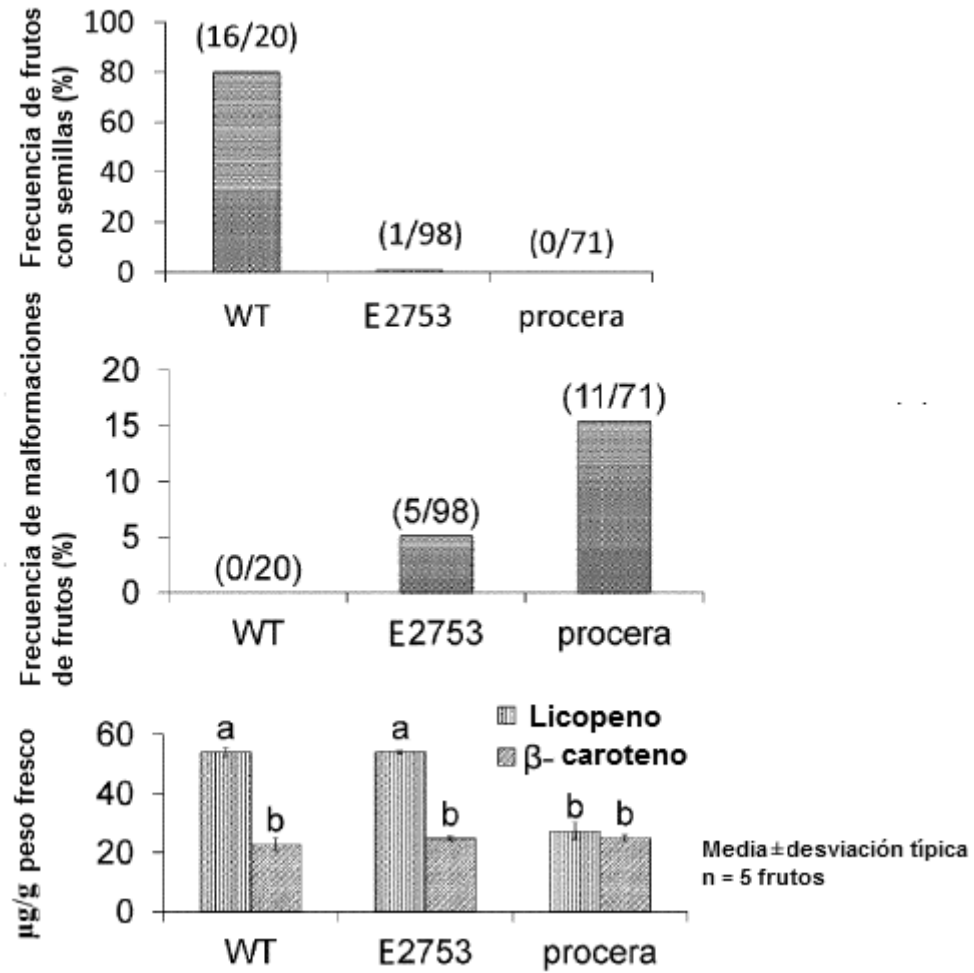


Fig. 8

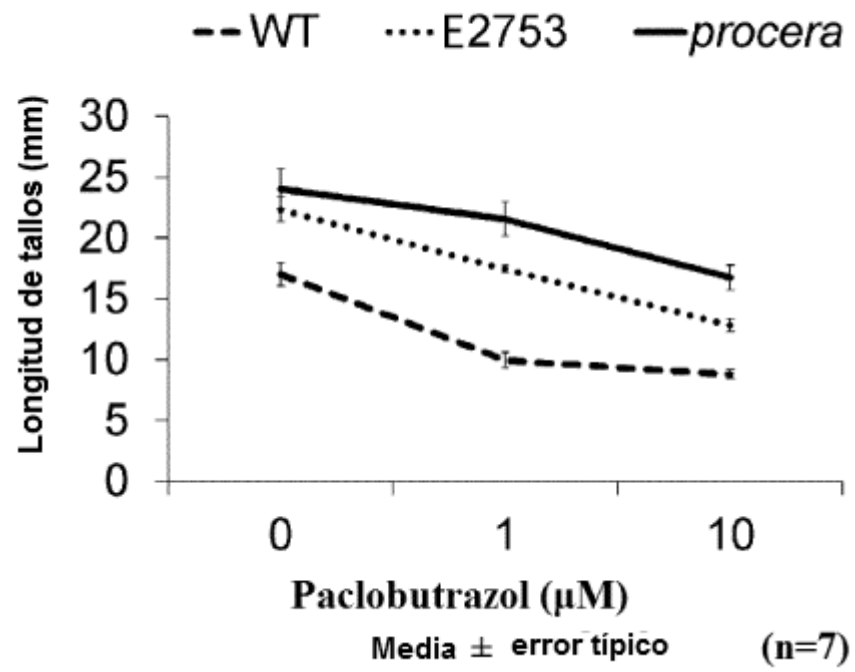
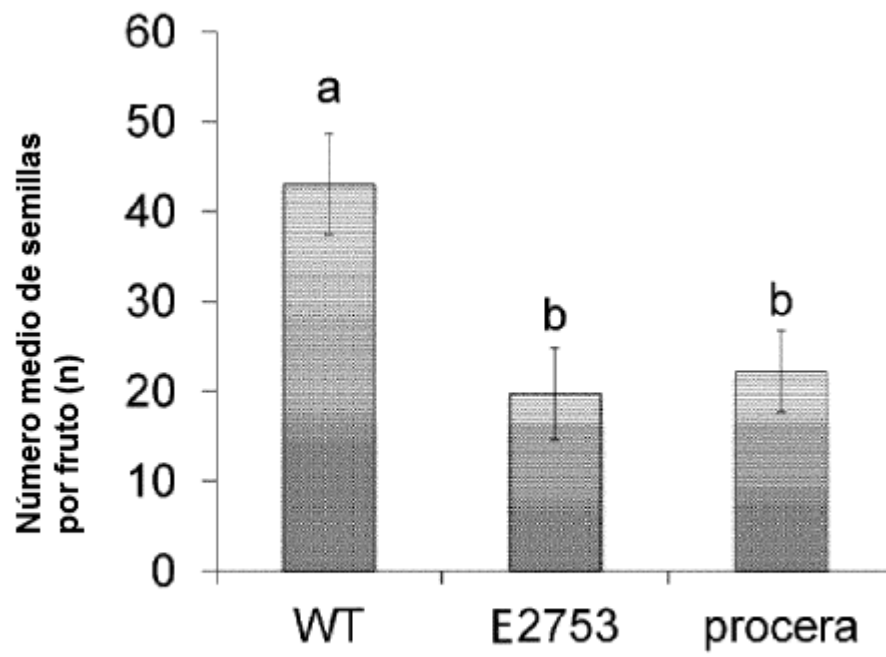


Fig. 9



Media $\pm$ error típico
 (n = 10), ensayo t de Student ($P < 0.05$)