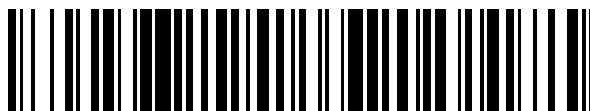


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 729 402**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/68 (2008.01)
C07K 7/06 (2006.01)
C07K 7/08 (2006.01)
C12N 15/11 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **31.10.2014** **PCT/FR2014/052781**

87 Fecha y número de publicación internacional: **07.05.2015** **WO15063431**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **31.10.2014** **E 14809449 (3)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.03.2019** **EP 3063300**

54 Título: **Micropéptidos y su utilización para la modulación de la expresión de genes**

30 Prioridad:

31.10.2013 FR 1360727
03.06.2014 FR 1455044

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
04.11.2019

73 Titular/es:

UNIVERSITÉ PAUL SABATIER TOULOUSE III
(50.0%)
118 route de Narbonne
31062 Toulouse Cedex 9, FR y
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE (50.0%)

72 Inventor/es:

COMBIER, JEAN-PHILIPPE;
LAURESSERGUES, DOMINIQUE;
BECARD, GUILLAUME;
PAYRE, FRANÇOIS;
PLAZA, SERGE y
CAVILLE, JÉRÔME

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 729 402 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

Micropéptidos y su utilización para la modulación de la expresión de genes

La presente invención se refiere a micropéptidos (péptidos codificados por microARN o "miPEP") y su utilización para la modulación de la expresión de genes.

- 5 Los microARN (miR) son pequeños ARN no codificantes, de aproximadamente 21 nucleótidos después de la maduración que controlan la expresión de genes diana a nivel postranscripcional, degradando el ARNm diana o inhibiendo su traducción. Los miR se encuentran en las plantas y los animales.

Los genes diana están seguidos de genes clave en los procesos del desarrollo. Codifican por ejemplo los factores de transcripción o las proteínas del proteasoma.

- 10 La regulación de la expresión de los miR es muy poco conocida, pero se dice principalmente que puede intervenir, del mismo modo que en la mayoría de los genes codificantes, una ARN polimerasa II: esta enzima produce una transcripción primaria llamada "*pri-miR*", que a continuación madura por un complejo proteico que contiene principalmente enzimas tipo Dicer. Esta maduración da lugar en primer lugar a la formación de un precursor de miR llamado "*pre-miR*", que tiene una estructura secundaria en forma de tallo-lazo que contiene el miR y su secuencia
- 15 miR* complementaria. Después de que el precursor madura, da lugar a la formación de un ARN de doble cadena más corto que contiene el miR y el miR*. Entonces el complejo RISC se hace cargo del miR que escinde el ARN del gen diana o bien inhibe su traducción.

- Por otra parte, se ha demostrado que la presencia de intrones en la transcripción primaria del microARN aumenta la expresión del microARN maduro (Schwab y col., EMBO Rep., 14(7):615-21, 2013). Sin embargo, debido a las
- 20 dificultades experimentales, las transcripciones primarias de los microARN, o *pri-miR* están poco estudiadas.

- Aproximadamente un 50 % de los genes de eucariotas poseen, en el seno de su región UTR 5' (Región no Traducida 5') corriente arriba de la secuencia codificante, pequeñas fases de lectura abierta. Estas pequeñas fases de lectura abierta (o "uORF" por ORF corriente arriba) pueden tener un papel regulador de la traducción, principalmente en *cis*, modulando la fijación y la velocidad de los ribosomas sobre el ARNm, pero igualmente en *trans* según un mecanismo
- 25 aún desconocido, por medio de péptidos codificados por dichas uORF (Combier y col., Gene Dev, 22:1549-1559, 2008). Por definición, las uORF están presentes corriente arriba de los genes codificantes.

- Recientemente, se han descubierto igualmente pequeñas ORF en los ARN largos intergénicos no codificantes (lincARN) de las que su supuesta función, si es que existe, no se conoce (Ingolia y col., Cell, 147(4):789-802, 2011; Guttman & Rinn, Nature, 482(7385):339-46, 2012).

- 30 Sin embargo, no se ha expuesto ningún ejemplo con respecto a la existencia de ORF que codifiquen péptidos en el seno de microARN no codificantes. Hasta el presente, los microARN, y por extensión su transcripción primaria, siempre se han considerado, por su modo de acción particular, como ARN reguladores no codificantes que no producen ningún péptido.

Uno de los aspectos de la invención es proporcionar péptidos capaces de modular la expresión de los microARN.

- 35 Otro aspecto de la invención es proporcionar un medio que permita modular la expresión de uno o varios genes diana de un microARN.

La presente invención presenta la ventaja de permitir un control más fácil y eficaz de la expresión de genes diana por los microARN, con ayuda de un medio distinto del microARN.

La invención se describe por las reivindicaciones adjuntas.

- 40 La invención también se refiere aquí a un procedimiento de detección e identificación de un micropéptido (miPEP) codificado por una secuencia de nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de un microARN, que comprende:

- a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 12 a 303 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
- 45 - b) una etapa de comparación entre:
- la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,
- 50

en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la presencia de un micropéptido codificado por dicha fase de lectura abierta.

5 La invención también se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un micropéptido (miPEP) codificado por una secuencia de nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de un microARN, que comprende:

- a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 15 a 303 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
- b) una etapa de comparación entre:

- 10 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
- 15 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la presencia de un micropéptido codificado por dicha fase de lectura abierta.

20 La solicitud también se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un micropéptido (miPEP) codificado por una secuencia de nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de un microARN, que comprende:

- 25 a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 15 a 303 nucleótidos o de 12 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después,
- b) una etapa de comparación entre:
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 - 30 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

35 en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la existencia de un micropéptido codificado por dicha fase de lectura abierta.

La solicitud también se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un micropéptido (miPEP) codificado por una secuencia de nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de un microARN, que comprende:

- 40 a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 12 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
- b) una etapa de comparación entre:
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 - 45 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

50 en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la existencia de un micropéptido codificado por dicha fase de lectura abierta.

En una primera etapa, el procedimiento de detección e identificación de un micropéptido consiste por tanto en la detección de la existencia en la transcripción primaria de un microARN de una fase de lectura abierta que codifica potencialmente un péptido.

La segunda etapa permite, por su parte, caracterizar dicho péptido, es decir, determinar si dicho péptido corresponde realmente a un péptido producido por la célula, investigando un efecto de dicho péptido sobre la acumulación de dicho microARN.

- 5 Para poner en evidencia un efecto del péptido sobre la acumulación del microARN, se introduce una cantidad importante de péptido en una primera célula que expresa dicho microARN. La acumulación del microARN en esta primera célula se mide entonces y se compara con la acumulación del microARN en una segunda célula idéntica a la primera pero que no contiene dicho péptido.

- 10 La observación de una variación de las cantidades de microARN entre las células en presencia y ausencia del péptido indica también (i) que existe un péptido codificado por la transcripción primaria de dicho microARN, (ii) que la secuencia de este péptido está codificada por la fase de lectura abierta identificada en la transcripción primaria de dicho microARN, y (iii) que dicho péptido actúa sobre la acumulación de dicho microARN.

La invención se basa en la doble observación inesperada hecha por los inventores de que, por una parte, existen fases de lectura abierta que puedan codificar los micropéptidos presentes en las transcripciones primarias de microARN, y por otra parte que dichos micropéptidos son capaces de modular la acumulación de dichos microARN.

- 15 En la invención, las expresiones "*microARN*", "*microARN no codificante*" y "*miR*" son equivalentes y pueden utilizarse de manera intercambiable. Definen pequeñas moléculas de ARN de aproximadamente 21 nucleótidos, que no se traducen y no dan lugar a un péptido o una proteína.

Sin embargo, bajo esta forma madura, los microARN aseguran una función de regulación de ciertos genes mediante mecanismos postranscripcionales, como por ejemplo, por la intervención del complejo RISC.

- 20 La transcripción primaria del microARN o "*pri-miR*" correspondiente con la molécula de ARN directamente obtenida a partir de la transcripción de la molécula de ADN. Generalmente, esta transcripción primaria se somete a una o más modificaciones postranscripcionales, que dan lugar, por ejemplo, a una estructura particular de ARN o una escisión de ciertas partes del ARN por fenómenos de corte y empalme, y que dan lugar a la forma precursora del microARN o "*pre-miR*", y después a la forma madura del microARN o "*miR*".

- 25 Los términos "*micropéptidos*" y "*miPEP*" (PÉPTIDOS codificados por microARN) son equivalentes y se pueden utilizar de manera intercambiable. Definen un péptido que está codificado por una fase de lectura abierta presente en la transcripción primaria de un microARN, y que es capaz de modular la acumulación de dicho microARN. Los micropéptidos de acuerdo con la presente invención no se deben considerar como que son necesariamente péptidos de tamaño pequeño, de manera que "micro" no se corresponde con el tamaño del péptido.

- 30 Según la invención, un miPEP puede considerarse un modulador de la transcripción, y principalmente un activador transcripcional. Dicho modulador de la transcripción puede actuar a nivel de la transcripción para modular la acumulación de pri-miR, de pre-miR y de miR. Teniendo en cuenta la degeneración del código genético, un mismo micropéptido puede estar codificado por varias secuencias de nucleótidos. Dichas secuencias de nucleótidos, diferentes entre ellas al menos en un nucleótido pero que codifican un mismo péptido, se llaman "*secuencias degeneradas*".

- 35 Las expresiones "*fase de lectura abierta*" u "*ORF*" (fase de lectura abierta) son equivalentes y se pueden utilizar de manera intercambiable. Se corresponden con una secuencia de nucleótidos en una molécula de ADN o ARN que pueden potencialmente codificar un péptido o una proteína: dicha fase de lectura abierta comienza con un codón de inicio (el codón de inicio codifica generalmente una metionina)(, seguido por una serie de codones (cada codón codifica un aminoácido) y se termina con un codón de parada (el codón de parada no se traduce).

En la invención, las ORF pueden ser denominadas de manera específica "*miORF*" cuando están presentes en las transcripciones primarias de microARN.

Las miORF como se definen en la invención particular pueden tener un tamaño de 12 a 303 nucleótidos y codificar péptidos de 3 a 100 aminoácidos.

- 45 En particular, las miORF como se definen en la invención pueden tener un tamaño de 15 a 303 nucleótidos. Como un aminoácido está codificado por un codón de 3 nucleótidos, las miORF de 15 a 303 nucleótidos codifican miPEP de 4 a 100 aminoácidos.

En particular, las miORF tienen un tamaño de:

- 50 15, 18, 21, 24, 27, 30, 33, 36, 39, 42, 45, 47, 51, 54, 57, 60, 63, 66, 69, 72, 75, 78, 81, 84, 87, 90, 93, 96, 99, 102, 105, 108, 111, 114, 117, 120, 123, 126, 129, 132, 135, 138, 141, 144, 147, 150, 153, 156, 159, 162, 165, 168, 171, 174, 177, 180, 183, 186, 189, 192, 195, 198, 201, 204, 207, 210, 213, 216, 219, 222, 225, 228, 231, 234, 237, 240, 243, 246, 249, 252, 255, 258, 261, 264, 267, 270, 273, 276, 279, 282, 285, 288, 291, 294, 297, 300 o 303 nucleótidos, y codifican respectivamente miPEP que tienen un tamaño de:
- 55 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 o 100 aminoácidos.

En la invención, por "*acumulación*" se entiende la producción de una molécula tal como un microARN o un micropéptido, en la célula.

5 Así, la "*modulación*" de la acumulación de una molécula en una célula se corresponde con una modificación de la cantidad de dicha molécula presente en la célula.

Por otra parte, el efecto de un miPEP puede observarse mediante la modulación de la acumulación del miR, pero igualmente a través de la modulación de la acumulación del pri-miR o del pre-miR.
En una realización,

10 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que la modulación de la acumulación de dicho microARN es una disminución o un aumento de la acumulación de dicho microARN en particular un aumento.

Una "*disminución de la acumulación*" se corresponde a una bajada de la cantidad de dicha molécula en la célula.

Por el contrario, un "*aumento de la acumulación*" se corresponde a una subida de la cantidad de dicha molécula en la célula.

15 En una realización ventajosa, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que la modulación de la acumulación de dicho microARN es un aumento de la acumulación de dicho microARN. En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que la presencia de dicho péptido en la célula es el resultado de:

20 - la introducción en la célula de un ácido nucleico que codifica dicho péptido, o
- la introducción en la célula de dicho péptido.

Para caracterizar un miPEP, es necesario disponer de un modelo celular que exprese un microARN y en el que dicho péptido a ensayar esté presente. Por lo tanto, es posible introducir un péptido en la célula, sea poniendo la célula en contacto con dicho péptido, sea introduciendo en la célula un ácido nucleico que codifique dicho péptido, de manera
25 que el ácido nucleico se traduzca entonces en un péptido en el interior de la célula.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicha fase de lectura abierta de la etapa a) está contenida en la parte 5' o 3' de dicha transcripción primaria de microARN, preferentemente en la parte 5'.

30 Las partes 5' o 3' de la transcripción primaria del microARN se corresponden con las partes terminales de la molécula del ARN que son escindidas en el curso de la maduración del microARN.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN está presente en una célula vegetal nativa.

En la invención, una célula vegetal nativa se corresponde con una célula vegetal que no ha sido modificada genéticamente por el hombre.

35 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN está presente en una célula animal nativa, y principalmente una célula humana nativa o una célula de drosófila nativa.

En la invención, una célula animal nativa se corresponde con una célula animal, y principalmente humana, que no ha sido modificada genéticamente por el hombre.

40 En un modo de realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota determinada y dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b, son células vegetales de una planta crucífera tal como *Arabidopsis thaliana*, de una planta leguminosa tal como *Glycine max* (soja), *Medicago truncatula* y *Medicago sativa* (alfalfa) o de una planta solanácea tal como *Nicotiana benthamiana* (tabaco), *Solanum tuberosum* (patata),
45 *Solanum lycopersicum* (tomate) o *Solanum melongena* (berenjena).

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota determinada y dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b, son células vegetales, preferentemente células de *Medicago truncatula*, de *Nicotiana benthamiana* o de *Arabidopsis thaliana*.

50 En un modo de realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota determinada y dicha célula eucariota del mismo tipo

que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b, son células animales, preferentemente células humanas o de drosófila. En el procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, después de haber identificado una ORF que pueda codificar un péptido en la transcripción primaria de un microARN, es necesario proporcionar un modelo celular que posea dicho microARN y dicho péptido para poder demostrar un eventual efecto del péptido sobre dicho microARN.

Por lo tanto, se pueden prever dos opciones:

- el modelo celular en el que se ha identificado la miORF y en el que se ha puesto en evidencia el efecto del péptido sobre el miR son idénticos, o
- el modelo celular en el que se ha identificado la miORF y en el que se ha puesto en evidencia el efecto del péptido sobre el miR son diferentes.

En la primera opción, el modelo celular que se utiliza para observar un efecto del péptido es el mismo que en el que se aísla la transcripción primaria de dicho microARN. En este modelo celular, las células eucariotas determinadas contienen naturalmente dicho microARN y solo se debe introducir el péptido a ensayar en estas células. En este contexto, dicho microARN se califica como de "origen endógeno" ya que existe naturalmente en las células. No obstante, en una célula, pueden agregarse otras copias de un microARN de origen endógeno, como, por ejemplo, introduciendo en la célula un vector que codifique dicho microARN de origen endógeno.

En la segunda opción, el modelo celular que se utiliza para observar un efecto del péptido es diferente del que se aísla la transcripción primaria de dicho microARN. En este modelo celular, las células eucariotas determinadas no contienen ni el microARN, ni el péptido a ensayar. Estos dos elementos deberán introducirse entonces en esas células. En este contexto, dicho microARN se califica como de "origen exógeno" ya que no existe naturalmente en las células.

En una realización, En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN es de origen endógeno en dicha célula eucariota y en dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b).

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente en el que dicho microARN es de origen exógeno en dicha célula eucariota y en dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b), conteniendo dichas células un vector que permite la expresión de dicho microARN.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que la acumulación de dicho microARN se determina llevando a cabo una RT-PCR cuantitativa o una transferencia de Northern.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que la acumulación de dicho microARN se determina llevando a cabo un chip de ADN o ARN.

La acumulación de dicho microARN puede determinarse con la ayuda de técnicas de biología molecular que permiten la dosificación de moléculas de ácido nucleico específicas.

La solicitud describe también un procedimiento de detección e identificación de un microARN en el que la secuencia de la transcripción primaria contiene una secuencia de nucleótidos que codifican un miPEP, que comprende:

- a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 15 a 303 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
- b) una etapa de comparación entre:
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

en la que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la existencia de un microARN en el que la transcripción primaria contiene una secuencia de nucleótidos que codifica un micropéptido.

En particular, la solicitud describe también un procedimiento de detección e identificación de un microARN en el que la secuencia de la transcripción primaria contiene una secuencia de nucleótidos que codifica un miPEP,

que comprende:

- a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 15 a 303 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
- b) una etapa de comparación entre:

- 5
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa la transcripción primaria de dicho microARN, en presencia de un péptido codificado pro una secuencia nucleotídica idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 - 10
 - la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa la transcripción primaria de dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la existencia de un microARN en el que la transcripción primaria contiene una secuencia de nucleótidos que codifica un micropéptido.

- 15 En una realización, la solicitud se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que la modulación de la acumulación de dicho microARN es una disminución o un aumento de la acumulación de dicho microARN en particular un aumento. en particular un aumento.

En una realización, En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que la presencia de dicho péptido en la célula es el resultado de:

- 20 - la introducción en la célula de un ácido nucleico que codifica dicho péptido, o
- la introducción en la célula de dicho péptido.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que dicha fase de lectura abierta de la etapa a) está contenida en la parte 5' o 3' de dicha transcripción primaria de microARN, preferentemente en la parte 5'.

- 25 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN está presente en una célula vegetal nativa.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN está presente en una célula animal, y principalmente humana, nativa.

- 30 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota determinada y dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b), son células vegetales, preferentemente células de *Medicago truncatula*.

- 35 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota determinada y dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b), son células animales, preferentemente células de drosófila.

- 40 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un miPEP tal como se define posteriormente, en el que dicho microARN es de origen endógeno en dicha célula eucariota y en dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b).

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente en el que dicho microARN es de origen exógeno en dicha célula eucariota y en dicha célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada, que se utilizan en la etapa b), conteniendo dichas células un vector que permite la expresión de dicho microARN.

- 45 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que la acumulación de dicho microARN se determina llevando a cabo una RT-PCR cuantitativa o una transferencia de Northern.

- 50 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de detección e identificación de un microARN tal como se define posteriormente, en el que la acumulación de dicho microARN se determina llevando a cabo un chip de ADN o ARN.

En otro aspecto, la descripción se refiere a un miPEP tal como el que se obtiene llevando a cabo el procedimiento que se define posteriormente.

De manera más particular, la descripción se refiere a un miPEP codificado por una secuencia de nucleótidos tal como el que se obtiene llevando a cabo el procedimiento tal como se define posteriormente. En otras palabras, la invención

se refiere a un miPEP codificado por una secuencia de nucleótidos detectada e identificada llevando a cabo el procedimiento que se define posteriormente.

5 Otro aspecto se refiere igualmente a un miPEP de 3 a 100 aminoácidos, en particular de 4 a 100 aminoácidos, principalmente de 4 a 60 aminoácidos, preferentemente de 4 a 40 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una células eucariota.

10 Otro aspecto se refiere igualmente a un miPEP de 4 a 100 aminoácidos, o de 3 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una células eucariota.

15 Otro aspecto se refiere igualmente a un miPEP de 3 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una células eucariota.

20 En particular, el miPEP como se define está codificado por una miORF de 15 a 303 nucleótidos y un tamaño de 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 o 100 aminoácidos, en particular de 5, 8, 10, 18, 19, 23, 37, 50 o 59 aminoácidos.

25 En particular, el miPEP tiene un tamaño que tiene de 4 a 10 aminoácidos, 4 a 20 aminoácidos, 4 a 30 aminoácidos, 4 a 40 aminoácidos, 4 a 50 aminoácidos, 4 a 60 aminoácidos, 4 a 70 aminoácidos, 4 a 80 aminoácidos, 4 a 90 aminoácidos, o 4 a 100 aminoácidos.

Por otra parte, conviene señalar que se pueden identificar varias miORF en la transcripción primaria de un microARN, indicando que una transcripción primaria de microARN puede potencialmente codificar varios miPEP.

Conviene igualmente señalar que el efecto de un miPEP es generalmente específico de un solo microARN, a saber, del que resulta de la transcripción primaria que codifica dicho miPEP.

30 La modulación del microARN por dicho miPEP puede ponerse en evidencia después de la observación de una variación de las cantidades de microARN entre las células en presencia y ausencia del miPEP.

En una realización, la descripción se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, estando dicha secuencia de nucleótidos contenida en la parte 5' o 3' de dicha transcripción primaria de un microARN, preferentemente en la parte 5'.

35 En una realización, la descripción se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, correspondiendo dicha secuencia de nucleótidos a la primera fase de lectura abierta presente en dicha transcripción primaria de un microARN.

En una realización, la descripción se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, teniendo dicho miPEP un punto isoeléctrico básico, preferentemente superior a 8.

40 En una realización, la descripción se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, teniendo dicho miPEP un punto isoeléctrico ácido.

En una realización, la invención se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, siendo escogido dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, y SEQ ID NO: 355 (Tabla 1).

45 En una realización, la invención se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, siendo dicho miPEP escogido de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

50 En una realización, la invención se refiere a un miPEP tal como se define posteriormente, que consiste en la secuencia de aminoácidos MVT.

En otro aspecto, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico que codifica un miPEP tal como se define posteriormente.

55 En una realización, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico tal como se define posteriormente, siendo escogida dicha molécula de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en la SEQ ID NO: 105 a SEQ ID NO 208, SEQ ID NO: 387 a SEQ ID NO: 399 y SEQ ID NO: 356 (Tabla 2).

En una realización, la invención se refiere a una molécula de ácido nucleico tal como se define posteriormente, siendo escogida dicha molécula de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

- SEQ ID NO: 105 a SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356,
- SEQ ID NO: 387 a SEQ ID NO: 399, o
- SEQ ID NO: 425.

En una realización particular, la invención se refiere al MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 163) contenida en la transcripción primaria del miR171b (SEQ ID NO: 319), siendo capaz dicho MtmPEP171b1 de modular la acumulación de dicho miR171b en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al AtmiPEP164a1 (SEQ ID NO: 24) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 128) contenida en la transcripción primaria del miR164a (SEQ ID NO: 297), siendo capaz dicho AtmiPEP164a1 de modular la acumulación de dicho miR164a en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al AtmiPEP165a (SEQ ID NO: 43) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 147) contenida en la transcripción primaria del miR165a (SEQ ID NO: 305), siendo capaz dicho AtmiPEP165a de modular la acumulación de dicho miR165a en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al AtmiPEP319a1 (SEQ ID NO: 76) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 180) contenida en la transcripción primaria del miR319a (SEQ ID NO: 331), siendo capaz dicho AtmiPEP319a1 de modular la acumulación de dicho miR319a en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al AtmiPEP319a2 (SEQ ID NO: 77) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 181) contenida en la transcripción primaria del miR319a (SEQ ID NO: 331), siendo capaz dicho AtmiPEP319a2 de modular la acumulación de dicho miR319a en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al AtmiPEP160b1 (SEQ ID NO: 14) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 118) contenida en la transcripción primaria del miR160b (SEQ ID NO: 291), siendo capaz dicho AtmiPEP160b1 de modular la acumulación de dicho miR160b en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al MtmPEP169d (SEQ ID NO: 424) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 425) contenida en la transcripción primaria del miR169d (SEQ ID NO: 427), siendo capaz dicho MtmPEP169d de modular la acumulación de dicho miR169d en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al MtmPEP171e (SEQ ID NO: 63) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 167) contenida en la transcripción primaria del miR171e (SEQ ID NO: 322), siendo capaz dicho MtmPEP171e de modular la acumulación de dicho miR171e en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al DmPEP1a (SEQ ID NO: 102) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 206) contenida en la transcripción primaria del miR1 (SEQ ID NO: 353), siendo capaz dicho DmPEP1a de modular la acumulación de dicho miR1 en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al DmPEP1b (SEQ ID NO: 103) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 207) contenida en la transcripción primaria del miR1 (SEQ ID NO: 353), siendo capaz dicho DmPEP1b de modular la acumulación de dicho miR1 en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al DmPEP8 (SEQ ID NO: 104) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 208) contenida en la transcripción primaria del miR8 (SEQ ID NO: 354), siendo capaz dicho DmPEP8 de modular la acumulación de dicho miR8 en una célula eucariota.

En una realización particular, la invención se refiere al HsPEP155 (SEQ ID NO: 355) codificado por la secuencia de nucleótidos (SEQ ID NO: 356) contenida en la transcripción primaria del miR155 (SEQ ID NO: 358), siendo capaz dicho HsPEP155 de modular la acumulación de dicho miR155 en una célula eucariota.

En otro aspecto, la descripción se refiere a un péptido aislado, o un péptido aislado y purificado, o un péptido sintético o un péptido recombinante, que comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP, estando dicho miPEP principalmente presente de manera natural en una planta, o en un animal, tal como un ser humano.

En otro aspecto, la invención se refiere a un vector que comprende al menos una molécula de ácido nucleico tal como se define posteriormente.

En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico,

para modular la expresión de un gen en una célula eucariota vegetal determinada, siendo capaz dicha célula eucariota

vegetal determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación es modulada por dicho al menos un miPEP, siendo regulada la expresión de dicho gen por dicho microARN, escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en:

5 SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76, escogiéndose dicho ácido nucleico de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en: SEQ ID NO: 163, SEQ ID NO: 164, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 147, SEQ ID NO: 180,

escogiéndose dicho microARN de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

10 SEQ ID NO: 319, SEQ ID NO: 297, SEQ ID NO: 305, SEQ ID NO: 331.

la descripción se refiere igualmente a la utilización de al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico,

15 para modular la expresión de al menos un gen en una célula eucariota determinada, siendo capaz dicha célula eucariota determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación está modulada por dicho al menos un miPEP, estando regulada la expresión de dicho al menos un gen por dicho microARN.

En otro aspecto, la descripción se refiere igualmente a la utilización de al menos:

- 20
- un miPEP de 4 a 100 aminoácidos, preferentemente de 4 a 40 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota,
 - un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico,

25 para modular la expresión de al menos un gen en una célula eucariota determinada, siendo capaz dicha célula eucariota determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación está modulada por dicho al menos un miPEP, estando regulada la expresión de dicho al menos un gen por dicho microARN.

En otro aspecto, la descripción se refiere igualmente a la utilización de al menos:

- 30
- un miPEP de 4 a 100 aminoácidos, o de 3 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota,
 - un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico,

35 para modular la expresión de al menos un gen en una célula eucariota determinada, siendo capaz dicha célula eucariota determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación está modulada por dicho al menos un miPEP, estando regulada la expresión de dicho al menos un gen por dicho microARN.

En otro aspecto, la descripción se refiere igualmente a la utilización de al menos:

- 40
- un miPEP de 3 aminoácidos, codificados por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota,
 - un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico,

45 para modular la expresión de al menos un gen en una célula eucariota determinada, siendo capaz dicha célula eucariota determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación está modulada por dicho al menos un miPEP, estando regulada la expresión de dicho al menos un gen por dicho microARN.

50 La invención se basa en la observación sorprendente de los inventores de que es posible modular la expresión de uno o varios genes diana de un mismo microARN modulando la acumulación de dicho microARN con la ayuda de un miPEP.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha célula eucariota determinada es una célula vegetal.

En una realización, la invención se refiere a la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente

en la que dicha célula eucariota determinada es una célula vegetal de una planta crucífera tal como *Arabidopsis thaliana* *Glycine max* (soja), *Medicago truncatula* y *Medicago sativa* (alfalfa) o de una planta solanácea tal como *Nicotiana benthamiana* (tabaco), *Solanum tuberosum* (patata), *Solanum lycopersicum* (tomate) o *Solanum melongena* (berenjena).

- 5 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha célula eucariota determinada es una célula animal, principalmente humana.

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha célula eucariota determinada es una célula animal, principalmente humana, no siendo utilizado dicho miPEP para el tratamiento quirúrgico o terapéutico del cuerpo humano o animal, ni para modificar la identidad genética del ser humano.

10 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha célula eucariota determinada es una célula animal, utilizándose dicho miPEP para el tratamiento quirúrgico o terapéutico del cuerpo humano o animal.

15 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN y dicho gen son de origen endógeno en dicha célula eucariota determinada.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN y dicho gen son de origen exógeno en dicha célula eucariota determinada, conteniendo dicha célula eucariota determinada al menos un vector que permite la expresión de dicho microARN de dicho gen.

20 En la invención, las expresiones "*de origen endógeno*" y "*de origen exógeno*" se utilizan para distinguir dichos microARN y/o los genes de especies diferentes, dada la conservación de secuencias entre especies.

De este modo, la expresión "*de origen endógeno*" indica que el microARN y/o el gen pueden estar presentes de manera natural en la célula en cuestión. De manera artificial, sin embargo, se pueden adjuntar otras copias del microARN y/o del gen de origen endógeno en la célula en cuestión, como por ejemplo, por clonación.

25 Por el contrario, la expresión "*de origen exógeno*" indica que el microARN y/o el gen no están nunca presentes de manera natural en la célula en cuestión. Se trata de un microARN y/o de un gen identificado en otro tipo celular o en un organismo de otra especie, por lo tanto, este microARN y/o este gen se introducen necesariamente de manera artificial en la célula en cuestión.

En la invención, una célula transformada genéticamente puede contener por tanto 2 grupos de microARN y/o genes potencialmente próximos en términos de secuencia, uno de origen endógeno y el otro de origen exógeno.

30 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha transcripción primaria del microARN y dicho gen son de origen exógeno en dicha célula eucariota determinada, conteniendo dicha célula eucariota determinada al menos un vector que permite la expresión de la transcripción primaria del microARN.

35 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que la transcripción primaria del microARN está codificada por un vector introducido artificialmente en la célula.

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386 y SEQ ID NO: 355 (Tabla 1).

40 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

45 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59), el AtmiPEP164a1 (SEQ ID NO: 24), el AtmiPEP165a (SEQ ID NO: 43), el AtmiPEP319a1 (SEQ ID NO: 76) y el AtmiPEP319a2 (SEQ ID NO: 77).

50 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre: el MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59), el AtmiPEP164a1 (SEQ ID NO: 24), el AtmiPEP165a (SEQ ID NO: 43), el AtmiPEP319a1 (SEQ ID NO: 76), el AtmiPEP319a2 (SEQ ID NO: 77), el AtmiPEP160b1 (SEQ ID NO: 14), el MtmPEP171e (SEQ ID NO: 63) y el MtmPEP169d (SEQ ID NO: 424).

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59), el AtmiPEP164a1 (SEQ ID NO: 24), el AtmiPEP165a (SEQ ID NO:

43) y el AtmiPEP319a1 (SEQ ID NO: 76).

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre DmmiPEP1a (SEQ ID NO: 102), el DmmiPEP1b (SEQ ID NO: 103) y el DmmiPEP8 (SEQ ID NO: 104).

- 5 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho miPEP se escoge de entre HsmiPEP155a (SEQ ID NO: 355).

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en la SEQ ID NO: 105 a SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356 (Tabla 2).

- 10 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

- SEQ ID NO: 105 a SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356,
- SEQ ID NO: 387 a SEQ ID NO: 399, o
- SEQ ID NO: 425.

- 15 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre la miORF171b (SEQ ID NO: 163), la miORF164a1 (SEQ ID NO: 128), la miORF165a (SEQ ID NO: 147), la miORF319a1 (SEQ ID NO: 180) y la miORF319a2 (SEQ ID NO: 181).

- 20 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre la miORF171b (SEQ ID NO: 163), la miORF164a1 (SEQ ID NO: 128), la miORF165a (SEQ ID NO: 147), la miORF319a1 (SEQ ID NO: 180), la miORF319a2 (SEQ ID NO: 181), la miORF160b1 (SEQ ID NO: 118), la miORF169d (SEQ ID NO: 425) y la miORF171e (SEQ ID NO: 167).

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre la miORF171b (SEQ ID NO: 163), la miORF164a1 (SEQ ID NO: 128), la miORF165a (SEQ ID NO: 147) y la miORF319a1 (SEQ ID NO: 180).

- 25 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre la miORF1a (SEQ ID NO: 206), la miORF1b (SEQ ID NO: 207) y la miORF8 (SEQ ID NO: 208).

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico se escoge de entre la miORF155 (SEQ ID NO: 356).

- 30 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en la SEQ ID NO: 282 a SEQ ID NO: 354 y SEQ ID NO: 358.

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

- 35
- SEQ ID NO: 282 a SEQ ID NO: 354 y SEQ ID NO: 358,
 - SEQ ID NO: 412 a SEQ ID NO: 423, o
 - SEQ ID NO: 427.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre miR171b (SEQ ID NO: 319), la miR165a (SEQ ID NO: 305) y la miR319a (SEQ ID NO: 331).

- 40 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre miR171b (SEQ ID NO: 319), la miR164a (SEQ ID NO: 297), la miR165a (SEQ ID NO: 305), la miR319a (SEQ ID NO: 331), la miR160b (SEQ ID NO: 291), la miR171e (SEQ ID NO: 322) y la miR169d (SEQ ID NO: 427).

- 45 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre miR171b (SEQ ID NO: 319), la miR164a (SEQ ID NO: 297), la miR165a (SEQ ID NO: 305) y la miR319a (SEQ ID NO: 331).

En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre miR1a (SEQ ID NO: 353) y la miR8 (SEQ ID NO: 354).

- 50 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicho microARN se escoge de entre miR155 (SEQ ID NO: 358).

En otro aspecto, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por un microARN en una células eucariota vegetal, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- 5 escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en: SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76 en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

La descripción se refiere en particular a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por un microARN en una células eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, teniendo dicho miPEP:

- 10 - un tamaño de 3 a 100 aminoácidos, preferentemente de 4 a 20 aminoácidos, y
- una secuencia peptídica idéntica a la codificada por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un ARNm que regula la expresión de dicho gen, y
15 - que es capaz de modular la acumulación de dicho microARN,

en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

En otro aspecto, la descripción se refiere en particular a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por un microARN en una células eucariota,

- 20 que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, teniendo dicho miPEP:

- un tamaño de 4 a 100 aminoácidos, o de 3 aminoácidos, y
- una secuencia peptídica idéntica a la codificada por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un ARNm que regula la expresión de dicho gen, y
- que es capaz de modular la acumulación de dicho microARN,

- 25 en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

En otro aspecto, la descripción se refiere en particular a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por un microARN en una células eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, teniendo dicho miPEP:

- 30 - un tamaño de 3 aminoácidos, y
- una secuencia peptídica idéntica a la codificada por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un ARNm que regula la expresión de dicho gen, y
- que es capaz de modular la acumulación de dicho microARN,

- 35 en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

En particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por un microARN en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, teniendo dicho miPEP:

- 40 - un tamaño de 4 a 100 aminoácidos, preferentemente de 4 a 20 aminoácidos, y
- una secuencia peptídica idéntica a la codificada por una secuencia de nucleótidos contenida en la transcripción primaria de un ARNm que regula la expresión de dicho gen, y
- que es capaz de modular la acumulación de dicho microARN,

en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

- 45 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente, en el que la acumulación de dicho miPEP en la célula es el resultado de:

- la introducción en la célula de un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- la introducción en la célula de dicho miPEP.

- 50 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente, en el que dicha célula eucariota es una célula vegetal.

En una realización, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en el que dicha célula eucariota es una célula animal y principalmente humana.

En una realización, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en la que dicha célula eucariota es una célula animal y principalmente humana, no siendo utilizado dicho procedimiento para el tratamiento quirúrgico o terapéutico del cuerpo humano o animal, ni para modificar la identidad genética del ser humano.

- 5 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en el que dicho microARN y dicho gen son de origen endógeno en dicha célula eucariota.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en el que dicho microARN y dicho gen son de origen exógeno en dicha célula eucariota, conteniendo dicha célula eucariota al menos un vector que permite la expresión de dicho microARN de dicho gen.

- 10 En una realización, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en el que dicho miPEP se escoge de entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386 y SEQ ID NO: 355.

En una realización, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen tal como se define posteriormente en el que dicho miPEP se escoge de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- 15 - SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

En una realización particular, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR171b (SEQ ID NO: 319) en una célula eucariota,
20 que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59) en dicha célula eucariota, en el que, la acumulación de dicho MtmPEP171b1 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho MtmPEP171b1.

- En una realización particular, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR171b (SEQ ID NO: 319) en una célula eucariota,
25 que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del MtmPEP171b1 (SEQ ID NO: 59) en dicha célula eucariota, en el que, la acumulación de dicho MtmPEP171b1 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho MtmPEP171b1,
en el que dicho gen se escoge de entre los genes *HAM1* (n° de acceso MtGI9- TC114268) y *HAM2* (n° de acceso MtGI9-TC120850) (números de acceso según el banco de datos del Atlas de Expresión Genética ("MtGEA") de
30 *Medicago truncatula*.

En una realización particular, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR164a (SEQ ID NO: 297) en una célula eucariota,
que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del AtmiPEP165a1 (SEQ ID NO: 24) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho AtmiPEP164a1 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión
35 de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho AtmiPEP164a1.

En una realización particular, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR165a (SEQ ID NO: 305) en una célula eucariota,
que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del AtmiPEP165a (SEQ ID NO: 43) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho AtmiPEP165a en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de
40 dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho AtmiPEP165a.

En una realización particular, la invención se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR319a (SEQ ID NO: 331) en una célula eucariota,
que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del AtmiPEP319a1 (SEQ ID NO: 76) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho AtmiPEP319a1 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión
45 de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho AtmiPEP319a1.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR319a (SEQ ID NO: 331) en una célula eucariota,
que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del AtmiPEP319a2 (SEQ ID NO: 77) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho AtmiPEP319a2 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión
50 de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho AtmiPEP319a2.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR160b (SEQ ID NO: 291) en una célula eucariota,
que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del AtmiPEP160b1 (SEQ ID NO: 14) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho AtmiPEP160b1 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión
55 de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho AtmiPEP160b1.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR169d (SEQ ID NO: 427) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del MtmPEP169d (SEQ ID NO: 424) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho MtmPEP169d en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho MtmPEP169d.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR171e (SEQ ID NO: 322) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del MtmPEP171e (SEQ ID NO: 63) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho MtmPEP171e en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho MtmPEP171e.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR1 (SEQ ID NO: 353) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del DmmPEP1a (SEQ ID NO: 102) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho DmmPEP1a en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho DmmPEP1a.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR1 (SEQ ID NO: 353) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del DmmPEP1b (SEQ ID NO: 103) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho DmmPEP1b en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho DmmPEP1b.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR8 (SEQ ID NO: 354) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del DmmPEP8 (SEQ ID NO: 104) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho DmmPEP8 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho DmmPEP8.

En una realización particular, la descripción se refiere a un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulado por el miR155 (SEQ ID NO: 358) en una célula eucariota, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación del hsmPEP155 (SEQ ID NO: 355) en dicha célula eucariota, en la que, la acumulación de dicho hsmPEP155 en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho hsmPEP155.

En otro aspecto, la solicitud también describe una célula eucariota modificada que contiene un péptido idéntico a un miPEP tal como se define posteriormente, en el que el péptido está presente en dicha célula eucariota independientemente de la transcripción de la transcripción primaria del microARN que tiene la secuencia de nucleótidos que codifica dicho miPEP.

En la invención, la expresión "*célula eucariota modificada*" significa que dicha célula eucariota contiene un miPEP introducido artificialmente en la célula, sea como péptido, o por mediación de un vector que codifique dicho miPEP.

Además de un miPEP introducido artificialmente en la célula, una célula eucariota modificada según la invención contiene igualmente al menos un ácido nucleico que se corresponde con una miORF que codifica dicho miPEP.

Además de un miPEP introducido artificialmente en la célula y de la miORF, una célula eucariota modificada según la invención contiene igualmente al menos un miR, cuya transcripción primaria contiene dicha miORF.

En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, en la que dicho microARN es de origen endógeno.

En otra realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente en la que dicho microARN es de origen exógeno, conteniendo dicha célula eucariota un vector que permite la expresión de dicho microARN.

En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, siendo dicha célula una célula vegetal.

En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, en la que dicha célula vegetal es una célula de *Medicago truncatula* o *Arabidopsis thaliana*, escogiéndose dicho péptido de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente,

en la que dicha célula vegetal es una célula de *Medicago truncatula* o *Arabidopsis thaliana*, escogiéndose dicho péptido de entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 59 y SEQ ID NO: 77.

5 En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, en la que dicha célula vegetal es una célula de *Medicago truncatula* o *Arabidopsis thaliana*, escogiéndose dicho péptido de entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 424 y SEQ ID NO: 63. En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, siendo dicha célula una célula animal.

10 En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, en la que dicha célula animal es una célula de drosófila y dicho péptido se escoge entre el grupo de péptidos que consiste en la SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 103 y SEQ ID NO: 104.

En una realización, la solicitud también describe una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente, en la que dicha célula animal es una célula humana y dicho péptido consiste en la SEQ ID NO: 355.

En otro aspecto, la solicitud también describe una planta que comprende al menos una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente.

15 En otro aspecto, la solicitud también describe igualmente un organismo animal no humano que comprende al menos una célula eucariota modificada tal como se define posteriormente.

En otro aspecto, la solicitud también describe una composición que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- 20 - un vector que contiene dicho ácido nucleico.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición que comprende al menos un miPEP escogido de entre el grupo que consiste en:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- 25 - SEQ ID NO: 424.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición pesticida que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

30 En otro aspecto, la invención se refiere a una composición fitofarmacéutica que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición desencadenante que comprende al menos:

- 35 - un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

Por "composición desencadenante", se designa una composición capaz de conferir a la planta una mejor aptitud a la simbiosis o una mayor resistencia a diferentes tensiones, sean de naturaleza térmica, hídrica o química.

40 Para este propósito, la invención se refiere igualmente a composiciones que tratan sobre el crecimiento (inhibición del crecimiento o por el contrario, aumento del crecimiento) y la fisiología (mejor aptitud a micorrizar, formación de nudos, mejor tolerancia a diferentes tensiones) de la planta.

En particular, la invención se refiere a composiciones para favorecer el crecimiento de las plantas.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición herbicida que comprende al menos:

- 45 - un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición insecticida que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

5 En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP164a como principio activo, consistiendo dicho miPEP164a preferentemente en la SEQ ID NO: 24.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP319a como principio activo, consistiendo dicho miPEP319a preferentemente en la SEQ ID NO: 76.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP171b como principio activo, consistiendo dicho miPEP171b preferentemente en la SEQ ID NO: 59.

10 En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP165a como principio activo, consistiendo dicho miPEP165a preferentemente en la SEQ ID NO: 43.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP319a2 como principio activo, consistiendo dicho miPEP319a2 preferentemente en la SEQ ID NO: 77.

15 En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP160b1 como principio activo, consistiendo dicho miPEP160b1 preferentemente en la SEQ ID NO: 14.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP169d como principio activo, consistiendo dicho miPEP169d preferentemente en la SEQ ID NO: 424.

En otro aspecto, la invención se refiere a una composición, en particular una composición fitosanitaria, que comprende el miPEP171e como principio activo, consistiendo dicho miPEP171e preferentemente en la SEQ ID NO: 63.

20 Las propiedades solubles de los miPEP se determinan principalmente por su composición en aminoácidos. Los miPEP hidrófilos pueden ser solubles y acondicionarse en soluciones acuosas, tales como el agua. Los miPEP hidrófilos pueden ser solubles y acondicionarse en disolventes, tales como los disolventes orgánicos.

25 Para el tratamiento de las plantas con los miPEP, los disolventes orgánicos son disolventes no tóxicos para las plantas en pequeñas cantidades, es decir que no tienen efectos perjudiciales sobre el desarrollo de la planta. De manera no limitante, los disolventes orgánicos pueden escogerse de entre el acetonitrilo y el ácido acético.

Los miPEP hidrófilos pueden ser solubles y acondicionarse en mezclas de disolventes orgánicos, como por ejemplo una mezcla de acetonitrilo y de ácido acético. En particular, los miPEP pueden solubilizarse en una solución que comprenda un 50% de acetonitrilo, un 10% de ácido acético y un 40% de agua (volumen/volumen/volumen).

30 Preferentemente, los miPEP, 164a y 165a se disuelven en agua, y los miPEP 171b y 319a se disuelven en una solución que comprende un 50% de acetonitrilo, un 10% de ácido acético y un 40% de agua (volumen/volumen/volumen).

De manera no limitante, las composiciones, las composiciones plaguicidas, las composiciones fitofarmacéuticas, las composiciones herbicidas y las composiciones insecticidas tales como se definen posteriormente pueden comprender 10^{-9} M a 10^{-4} M de miPEP, principalmente 10^{-9} M, 10^{-8} M, 10^{-7} M, 10^{-6} M, 10^{-5} M o 10^{-4} M de miPEP.

35 Las composiciones más o menos concentradas pueden igualmente estar previstas según las aplicaciones previstas. Por ejemplo, las composiciones que comprenden de 10^{-1} M a 10^{-3} M de miPEP, principalmente 10^{-1} M, 10^{-2} M o 10^{-3} M de miPEP, pueden estar previstas en el caso en el que el miPEP tenga que administrarse a la planta por fumigación.

En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, como un herbicida para eliminar las plantas o ralentizar su crecimiento, preferentemente como un herbicida específico de una especie o de un género de plantas.

40 En una realización particular, la invención se refiere a la utilización de una composición que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define según la reivindicación 8 a excepción de los miPEP de secuencias SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- un ácido nucleico según la reivindicación 9 que codifica dicho miPEP, a excepción de los ácidos nucleicos de las secuencias de SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356, o
- 45 - un vector que contiene dicho ácido nucleico,

como un herbicida, para eliminar las plantas o ralentizar su crecimiento, o como plaguicida para eliminar los organismos perjudiciales para las plantas o susceptibles de clasificarse como tales.

En otro aspecto, la descripción se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, como agente fitofarmacéutico,

50 - para favorecer el crecimiento y/o el desarrollo de las plantas,

principalmente para la modulación de los parámetros fisiológicos de una planta, en particular la biomasa, la superficie foliar, la floración, el calibre del fruto, la producción y/o la selección de semillas vegetales, en particular para controlar la partenocarpia o la monoecia de una planta, o para la modificación de los parámetros fisiológicos de semillas vegetales, en particular la germinación, la implantación radicular y la resistencia al estrés hídrico,

- 5 - o para prevenir o tratar las enfermedades de las plantas,

en particular para favorecer la resistencia a las enfermedades infecciosas.

En una realización particular, la invención se refiere a la utilización de una composición que comprende al menos:

- 10 - un miPEP tal como se define según la reivindicación 8, a excepción de los miPEP de las secuencias de SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- un ácido nucleico según la reivindicación 9 que codifica dicho miPEP, a excepción de los ácidos nucleicos de las secuencias de SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico,

como agente fitofarmacéutico,

- para favorecer el crecimiento y/o el desarrollo de las plantas,

- 15 - o para la modificación de parámetros fisiológicos de semillas vegetales o para prevenir o tratar enfermedades de las plantas,

aplicándose dicha composición por fumigación y formación de una película sobre dichas semillas vegetales.

En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para modular los parámetros fisiológicos de una planta, en particular la biomasa, la superficie foliar, o el calibre del fruto.

- 20 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para el aclareo de vergeles con el fin de aumentar el calibre de los frutos.

En una realización, la descripción se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para la producción y/o la selección de semillas vegetales, utilizándose dicha composición para controlar la partenocarpia y la monoecia de una planta.

- 25 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, administrándose dicha composición a dicha planta por vía foliar o vía radicular.

En una realización, la descripción se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para la producción y/o la selección de semillas vegetales.

- 30 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, en la que dicha composición se utiliza para modificar los parámetros fisiológicos de dichas semillas vegetales, en particular la implantación radicular, la germinación y la resistencia al estrés hídrico.

En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para favorecer la resistencia a las enfermedades infecciosas.

- 35 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, en la que dicha composición se aplica por fumigación o formación de una película sobre dichas semillas vegetales.

En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, como un plaguicida, para eliminar los organismos perjudiciales para las plantas o susceptibles de clasificarse como tales, principalmente como insecticida, aracnida, limacida o rodenticida.

- 40 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, como insecticida.

En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para eliminar los insectos devastadores.

- 45 En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, para eliminar las especies animales clasificadas como perjudiciales o susceptibles de clasificarse como tales, en particular los murinos, principalmente las ratas.

En una realización, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, como plaguicida para eliminar los organismos perjudiciales para las plantas o susceptibles de clasificarse como tales, principalmente como insecticida, aracnida, limacida o rodenticida, en particular para la aplicación de dicha composición sobre una planta o sobre un soporte en contacto con la planta.

- 50 En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de una composición tal como se define posteriormente, en la que dicha composición se aplica sobre una planta para protegerla de insectos devastadores.

En otro aspecto, la invención se refiere a la utilización de un péptido para favorecer el crecimiento de una planta, introduciéndose dicho péptido en la planta, teniendo dicho péptido una secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP presente naturalmente en dicha planta,

siendo dicho miPEP presente de manera natural en dicha planta un péptido de 4 a 100 aminoácidos cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada sobre la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en dicha planta, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores.

Los inventores han constatado de manera sorprendente que la utilización de péptidos en los que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de los miPEP codificados por las transcripciones primarias de los miR, permiten favorecer el crecimiento de las plantas.

En la invención, el término "*planta*" hace referencia de manera general o toda o parte de una planta cualquiera que sea su estado de desarrollo (que comprende la planta en forma de grano o de plántula), a uno o varios órganos de la planta (como por ejemplo, las hojas, las raíces, el tallo, las flores), a una o varias células de la planta, o incluso un conjunto de células de la planta.

En la invención, el término "*crecimiento*" hace referencia al desarrollo de toda o parte de una planta con el paso del tiempo. El crecimiento de la planta puede determinarse y cuantificarse así siguiendo los parámetros evolutivos que se pueden observar en ciertas partes, células u órganos de la planta, tales como las hojas, las raíces, los tallos o incluso las flores.

De manera no limitante, los parámetros que permiten determinar y cuantificar el crecimiento de una planta pueden ser principalmente:

- el tamaño, la superficie, el volumen, la masa y el número de hojas,
- el tamaño y el número de flores,
- el tamaño del tallo (o del tallo floral),
- la longitud y número de raíces,
- la precocidad de germinación,
- la precocidad de los brotes,
- la precocidad de la inducción floral (o transición floral),
- o incluso el número de células.

En el caso de las plantas leguminosas, el crecimiento de la planta puede estar ligado igualmente a la velocidad de nodulación, o incluso al tamaño y número de nódulos en las raíces.

Por otra parte, en la invención, la expresión "*favorecer el crecimiento de la planta*" o "*mejorar el crecimiento de la planta*", indica:

- sea una aceleración del desarrollo (como por ejemplo un tamaño de las hojas más importante para la planta en un momento dado con respecto a una planta de referencia),
- sea un aumento del desarrollo (como por ejemplo, un tamaño de las hojas más importante en una planta, que no pueda alcanzar una planta de referencia),
- sea una aceleración y un aumento del desarrollo de la planta.

Es importante señalar que la utilización según la invención tiene la ventaja de ser ecológica, en comparación con métodos químicos utilizados clásicamente en la industria botánica o en la agricultura, ya que el miPEP es un péptido que está presente naturalmente en la planta.

La invención se refiere igualmente a la utilización de un miPEP introducido en una planta para favorecer el crecimiento, siendo dicho miPEP introducido un péptido que comprende o consiste en, una secuencia idéntica a la de un miPEP que está presente naturalmente en dicha planta,

en el que el miPEP presente naturalmente es un péptido de 4 a 100 aminoácidos, en el que la secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR,

siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en dicha planta, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores,

siendo la suma de la cantidad de dicho miPEP introducido y la de dicho miPEP presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho miPEP naturalmente presente.

En la invención, la expresión "*miPEP introducido*" hace referencia a un miPEP introducido artificialmente en la planta al contrario del "*miPEP presente naturalmente en la planta*". La introducción de un miPEP en la planta implica entonces una etapa técnica, en la que la etapa no es un fenómeno natural y no corresponde ni a un cruzamiento, ni a una selección.

El miPEP introducido puede ser o bien un péptido producido fuera de la planta (como por ejemplo un péptido aislado y/o purificado, un péptido sintético o un péptido recombinante), o bien un péptido producido por la planta después de la introducción no natural de un ácido nucleico que codifique dicho miPEP en dicha planta.

La planta en la que no se ha introducido el miPEP posee una cantidad basal de dicho miPEP, que corresponde a la de dicho miPEP presente naturalmente. La utilización de un miPEP que comprende, o consiste en, una secuencia

idéntica a la de dicho miPEP conlleva un aumento de la cantidad total de miPEP, lo que modula la acumulación el miR cuya transcripción primaria contiene la secuencia codificante de dicho miPEP.

Por otra parte, el miPEP introducido se encuentra en la planta y su introducción no tiene un impacto sobre su estabilidad.

5 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *NAC1* (nº de acceso AT1G56010.1), *NAC4* (nº de acceso AT5G07680.1), *NAC5* (nº de acceso AT5G61430.1), *CUC1* (nº de acceso AT3G15170.1), *CUC2* (nº de acceso AT5G53950.1), *TCP3* (nº de acceso AT1G53230.1) y *TCP4* (nº de acceso AT3G15030.1) (números de acceso según el banco de datos *Recurso de Información de Arabidopsis "TAIR"*).

En particular, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *NAC1*, *NAC4*, *NAC5*, *CUC1* y *CUC2*.

15 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *TCP3* y *TCP4*.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miARN se escoge de entre el miR164a y el miR319a.

20 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miARN se escoge de entre el miR164a, el miR319a, el miR171b, el miR165a, el miR160b, el miR169d y el miR171e.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el AtmiPEP164a1, el AtmiPEP319a1, el AtmiPEP319a2, el MtmPEP171b1, el AtmiPEP165a1, el AtmiPEP160b1, el MtmPEP169d, el MtmPEP171e.

25 En particular, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que, dicho miR164a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la SEQ ID NO: 297.

En particular, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miR164a tiene una secuencia de nucleótidos que presenta al menos un 80% de identidad, preferentemente al menos un 90% de identidad, con la secuencia de nucleótidos SEQ ID NO: 297.

30 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP es el AtmiPEP164a1, en particular, en la que dicho AtmiPEP164a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 24.

En particular, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que, dicho miR319a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la SEQ ID NO: 331.

35 En particular, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miR319a tiene una secuencia de nucleótidos que presenta al menos un 80% de identidad, preferentemente al menos un 90% de identidad, con la secuencia de nucleótidos SEQ ID NO: 331.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP es el AtmiPEP319a1, en particular, en la que dicho AtmiPEP319a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 76.

40 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicha planta es una planta crucífera tal como *Arabidopsis thaliana*, una planta leguminosa tal como *Glycine max* (soja), *Medicago truncatula* y *Medicago sativa* (alfalfa) o una planta solanácea tal como *Nicotiana benthamiana* (tabaco), *Solanum tuberosum* (patata), *Solanum lycopersicum* (tomate) o *Solanum melongena* (berenjena).

45 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicha planta es una planta crucífera.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicha planta es *Arabidopsis thaliana*.

50 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, para favorecer el crecimiento de una planta de *Arabidopsis thaliana*, en la que el AtmiPEP164a1 se introduce en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, estando dicho AtmiPEP164a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*,

- siendo dicho AtmiPEP164a1 introducido un péptido en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de dicho AtmiPEP164a1 presente naturalmente, estando dicha secuencia del AtmiPEP164a1 codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de miR164a, en el que el miR164a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*,
- 5 siendo la suma de la cantidad de dicho AtmiPEP164a1 introducido y la de dicho AtmiPEP164a1 presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho AtmiPEP164a1 naturalmente presente en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*.
- 10 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, para favorecer el crecimiento de una planta de *Arabidopsis thaliana*, en la que el AtmiPEP319a1 se introduce en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, estando dicho AtmiPEP319a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*,
- 15 siendo dicho AtmiPEP319a1 introducido un péptido en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de dicho AtmiPEP319a1 presente naturalmente, estando dicha secuencia del AtmiPEP319a1 codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de miR319a, en el que el miR319a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*, siendo la suma de la cantidad de dicho AtmiPEP319a1 introducido y la de dicho AtmiPEP319a1 presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho AtmiPEP319a1 naturalmente presente en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*.
- 20 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce por vía externa en la planta, preferentemente por riego, por pulverización o con la adición de un fertilizante, de tierra, de un sustrato de cultivo o de un soporte inerte.
- En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce por riego y pulverización.
- 25 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce por riego y por la adición de un fertilizante.
- En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce por pulverización y por la adición de un fertilizante.
- 30 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce, por riego, por pulverización y por adición de un fertilizante.
- Los inventores han constatado en efecto de manera inesperada que es posible aplicar directamente una composición que comprende un miPEP sobre la planta para modular la acumulación del miR correspondiente en la planta, lo que indica que el miPEP es captado por la planta.
- 35 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que la planta se trata con una composición que comprende de 10^{-9} M a 10^{-4} M de dicho miPEP, principalmente 10^{-9} M, 10^{-8} M, 10^{-7} M, 10^{-6} M, 10^{-5} M o 10^{-4} M de dicho miPEP.
- Preferentemente, las composiciones tienen de 10^{-8} M a 10^{-5} M para una aplicación por riego o por pulverización sobre la planta.
- 40 De manera complementaria, se pueden prever composiciones más o menos concentradas para tratar la planta con el miPEP. Por ejemplo, y de manera no limitante, las composiciones más concentradas que comprenden de 10^{-1} M a 10^{-3} M, principalmente 10^{-2} M de miPEP, pueden estar previstas en el caso en el que el miPEP introducido por vía exógena se administre a la planta por fumigación.
- En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se introduce en la planta por medio de un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, introduciéndose dicho ácido nucleico en la planta.
- 45 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que el tamaño del tallo aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.
- 50 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que el número de hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que el tamaño de las hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 5 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que el número de raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 10 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que la longitud de las raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 15 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que la velocidad de nodulación aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 20 En una realización, la invención se refiere a la utilización tal como se define posteriormente, en la que el número de nódulos aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 25 El aumento de los parámetros que permiten determinar y cuantificar el crecimiento de la planta en la que se ha introducido el miPEP (tales como el tamaño del tallo, el número y tamaño de las hojas, el número y la longitud de las raíces, la velocidad de nodulación o incluso el número de nódulos en las raíces) se pone en evidencia preferentemente por comparación con una planta idéntica (es decir, una planta de la misma especie y/o variedad), de la misma edad y cultivada en las mismas condiciones pero en la que no se ha introducido ningún miPEP.

En otro aspecto, la invención se refiere a un procedimiento para favorecer el crecimiento de una planta, que comprende una etapa de introducción de un miPEP en una planta, estando dicho miPEP igualmente presente de manera natural en dicha planta,

- 30 siendo dicho miPEP introducido un péptido de 4 a 100 aminoácidos en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de dicho miPEP presente naturalmente, en el que la secuencia del miPEP presente naturalmente está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores,

- 35 siendo la suma de la cantidad de dicho miPEP introducido y la de dicho miPEP presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho miPEP naturalmente presente.

- 40 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *NAC1* (nº de acceso AT1G56010.1), *NAC4* (nº de acceso AT5G07680.1), *NAC5* (nº de acceso AT5G61430.1), *CUC1* (nº de acceso AT3G15170.1), *CUC2* (nº de acceso AT5G53950.1), *TCP3* (nº de acceso AT1G53230.1) y *TCP4* (nº de acceso AT3G15030.1).

En particular, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *NAC1*, *NAC4*, *NAC5*, *CUC1* y *CUC2*.

- 45 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *TCP3* y *TCP4*.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miR se escoge de entre el miR164a, el miR319a, el miR171b, el miR165a, el miR160b, el miR169d y el miR171e.

- 50 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miR se escoge de entre el AtmiPEP164a1, el AtmiPEP319a1, el AtmiPEP319a2, el MtmPEP171b1, el AtmiPEP165a1, el AtmiPEP160b1, el MtmPEP169d, el MtmPEP171e.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miARN es el miR164a, en particular, en el que dicho miR164a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la

SEQ ID NO: 297.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP es el AtmiPEP164a1, en particular, en el que dicho AtmiPEP164a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 24.

- 5 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miARN es el miR319a, en particular, en el que dicho miR319a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la SEQ ID NO: 331.

- 10 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP es el AtmiPEP319a1, en particular, en el que dicho AtmiPEP319a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 76.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que dicha planta es una planta crucífera tal como *Arabidopsis thaliana*, una planta leguminosa tal como *Glycine max* (soja), *Medicago truncatula* y *Medicago sativa* (alfalfa) o una planta solanácea tal como *Nicotiana benthamiana* (tabaco), *Solanum tuberosum* (patata), *Solanum lycopersicum* (tomate) o *Solanum melongena* (berenjena).

- 15 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicha planta es una planta crucífera.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicha planta es *Arabidopsis thaliana*.

- 20 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, para favorecer el crecimiento de una planta de *Arabidopsis thaliana*, en el que el AtmiPEP164a1 se introduce en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, estando dicho AtmiPEP164a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*,

- 25 siendo dicho AtmiPEP164a1 introducido un péptido que comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de dicho AtmiPEP164a1 presente naturalmente, en el que dicho AtmiPEP164a1 presente naturalmente es un péptido de 4 a 100 aminoácidos cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria del miR164a,

siendo capaz dicho AtmiPEP164a1 de modular la acumulación de dicho miR164a, en el que el miR164a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*,

- 30 siendo la suma de la cantidad de dicho AtmiPEP164a1 introducido y la de dicho AtmiPEP164a1 presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho AtmiPEP164a1 presente de manera natural.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, para favorecer el crecimiento de una planta de *Arabidopsis thaliana*, en el que el AtmiPEP319a1 se introduce en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, estando dicho AtmiPEP319a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*,

- 35 siendo dicho AtmiPEP319a1 introducido un péptido que comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de dicho AtmiPEP319a1 presente naturalmente, en el que dicho AtmiPEP319a1 presente naturalmente es un péptido de 4 a 100 aminoácidos cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria del miR319a,

- 40 siendo capaz dicho AtmiPEP319a1 de modular la acumulación de dicho miR319a, en el que el miR319a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*,

siendo la suma de la cantidad de dicho AtmiPEP319a1 introducido y la de dicho AtmiPEP319a1 presente naturalmente estrictamente superior a la cantidad de dicho AtmiPEP319a1 presente de manera natural.

- 45 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP se introduce por vía externa en la planta, preferentemente por riego, por pulverización o con la adición de un fertilizante, de tierra, de un sustrato de cultivo o de un soporte inerte.

- 50 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP se administra a la planta en forma de una composición que comprende de 10^{-9} M a 10^{-4} M de dicho miPEP, en particular 10^{-9} , 10^{-8} , 10^{-7} , 10^{-6} , 10^{-5} o 10^{-4} M de dicho miPEP. En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP se introduce en la planta por medio de un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, introduciéndose dicho ácido nucleico en la planta.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que el tamaño del tallo aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 5 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que el número de hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 10 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que el tamaño de las hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 15 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que el número de raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 20 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que la longitud de las raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que la velocidad de nodulación aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 25 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento tal como se define posteriormente, en la que el número de nódulos aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 30 En otro aspecto, la invención se refiere a una planta en la que se ha introducido un miPEP según la utilización o el procedimiento para favorecer el crecimiento de una planta descrita posteriormente.

En otro aspecto, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica que comprende:

- a) una etapa de introducción de un ácido nucleico que codifica un miPEP de 4 a 100 aminoácidos en una planta, o en al menos una célula de dicha planta, en condiciones que permiten la expresión de dicho miPEP,

- 35 estando dicho miPEP igualmente presente de manera natural en dicha planta, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en la planta, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores, y

- 40 b) una etapa de cultivo de la planta, o de al menos una célula de dicha planta, obtenidas en la etapa a) en condiciones que permitan la obtención de una planta transgénica.

En otro aspecto, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica que comprende:

- 45 a) una etapa de introducción de un ácido nucleico que codifica un miPEP de 4 a 100 aminoácidos, o de 3 aminoácidos, en una planta, o en al menos una célula de dicha planta, en condiciones que permiten la expresión de dicho miPEP,

- estando dicho miPEP igualmente presente de manera natural en dicha planta, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en la planta, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores, y

- 50 b) una etapa de cultivo de la planta, o de al menos una célula de dicha planta, obtenidas en la etapa a) en condiciones que permitan la obtención de una planta transgénica.

En otro aspecto, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica que

comprende:

a) una etapa de introducción de un ácido nucleico que codifica un miPEP de 3 aminoácidos, en una planta, o en al menos una célula de dicha planta, en condiciones que permiten la expresión de dicho miPEP,

estando dicho miPEP igualmente presente de manera natural en dicha planta, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en la planta, en la que el miR regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores, y

b) una etapa de cultivo de la planta, o de al menos una célula de dicha planta, obtenidas en la etapa a) en condiciones que permitan la obtención de una planta transgénica.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicha planta transgénica obtenida en la etapa b) tiene un mejor crecimiento con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho ácido nucleico.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que la expresión de dicho miPEP codificado por el ácido nucleico introducido en la planta produce un mejor crecimiento con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho ácido nucleico.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que la etapa a) se realiza con la ayuda de un vector que contiene dicho ácido nucleico, preferentemente un plásmido.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que la expresión de dicho ácido nucleico de la etapa a) está situado bajo el control de un promotor fuerte, preferentemente un promotor fuerte constitutivo tal como el promotor 35S.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho gen, implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, se escoge de entre el grupo que consiste en: *NAC1* (nº de acceso AT1G56010.1), *NAC4* (nº de acceso AT5G07680.1), *NAC5* (nº de acceso AT5G61430.1), *CUC1* (nº de acceso AT3G15170.1), *CUC2* (nº de acceso AT5G53950.1), *TCP3* (nº de acceso AT1G53230.1) y *TCP4* (nº de acceso AT3G15030.1). En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP tiene una secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en una secuencia escogida de entre el grupo constituido por la SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101 y SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP tiene una secuencia de aminoácidos que comprende o consiste en una secuencia escogida de entre el grupo constituido por:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miARN es el miR164a, en particular, en el que dicho miR164a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la SEQ ID NO: 297.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP es el AtmiPEP164a1, en particular, en el que dicho AtmiPEP164a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 24.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miARN es el miR319a, en particular, en el que dicho miR319a tiene una secuencia de nucleótidos que consiste en la SEQ ID NO: 331.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP es el AtmiPEP319a1, en particular, en el que dicho AtmiPEP319a1 tiene una secuencia de aminoácidos que consiste en la SEQ ID NO: 76.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicho ácido nucleico introducido en la etapa a) comprende una secuencia de nucleótidos escogida entre las SEQ ID NO: 128 y SEQ ID NO: 180.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como

se define posteriormente, en la que dicha planta es una planta crucífera tal como *Arabidopsis thaliana*, una planta leguminosa tal como *Glycine max* (soja), *Medicago truncatula* y *Medicago sativa* (alfalfa) o una planta solanácea tal como *Nicotiana benthamiana* (tabaco), *Solanum tuberosum* (patata), *Solanum lycopersicum* (tomate) o *Solanum melongena* (berenjena).

- 5 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicha planta transgénica es una planta crucífera.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en el que dicha planta transgénica es *Arabidopsis thaliana*.

- 10 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, que comprende:

a) una etapa de introducción de un ácido nucleico que contiene la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 128, que codifica el AtmiPEP164a1 que consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 24, en una planta de *Arabidopsis thaliana*, o en al menos una célula de dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, en condiciones que permiten la expresión de dicho AtmiPEP164a1,

- 15 estando dicho AtmiPEP164a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR164a, siendo capaz dicho AtmiPEP164a1 de modular la acumulación de dicho miR164, en el que el miR164a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*, y

- 20 b) una etapa de cultivo de la planta, o de al menos una célula de dicha planta, obtenidas en la etapa a) en condiciones que permitan la obtención de una planta transgénica de *Arabidopsis thaliana*.

En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, que comprende:

- 25 a) una etapa de introducción de un ácido nucleico que contiene la secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 180, que codifica el AtmiPEP319a1 que consiste en la secuencia de aminoácidos SEQ ID NO: 76, en una planta de *Arabidopsis thaliana*, o en al menos una célula de dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, en condiciones que permiten la expresión de dicho AtmiPEP319a1,

- 30 estando dicho AtmiPEP319a1 igualmente presente de manera natural en dicha planta de *Arabidopsis thaliana*, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR319a, siendo capaz dicho AtmiPEP319a1 de modular la acumulación de dicho miR319, en el que el miR319a regula la expresión de al menos un gen implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de *Arabidopsis thaliana*, y

- b) una etapa de cultivo de la planta, o de al menos una célula de dicha planta, obtenidas en la etapa a) en condiciones que permitan la obtención de una planta transgénica de *Arabidopsis thaliana*.

- 35 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción tal como se define posteriormente, en el que dicho miPEP se introduce en la planta por medio de un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, introduciéndose dicho ácido nucleico en la planta.

- 40 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que el tamaño del tallo aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño del tallo de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 45 En una realización, la invención se refiere a un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que el número de hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 50 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que el tamaño de las hojas aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al tamaño de las hojas de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

- 55 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que el número de raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún

miPEP, o bien con respecto al número de raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

5 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que la longitud de las raíces aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la longitud de las raíces de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

10 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que la velocidad de nodulación aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto a la velocidad de nodulación de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

15 En una realización, la solicitud también describe un procedimiento de producción de una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que el número de nódulos aumenta en la planta en la que se ha introducido dicho miPEP con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que no se ha introducido ningún miPEP, o bien con respecto al número de nódulos de una planta idéntica y de la misma edad en la que dicho miPEP no se ha introducido.

En un aspecto, la solicitud describe igualmente una planta transgénica tal como la que se obtiene por el procedimiento de producción tal como se define posteriormente.

20 En otro aspecto, la solicitud también describe una planta transgénica que contiene un vector que codifica un miPEP, estando dicho miPEP igualmente presente de manera natural en dicha planta, siendo dicho miPEP presente naturalmente un péptido cuya secuencia está codificada por una fase de lectura abierta situada en 5' de la transcripción primaria de un miR, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en la planta, en el que el miR regula la expresión de al menos un gen, produciendo la expresión de dicho miPEP codificado por el vector introducido en la planta una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho ácido nucleico.

30 En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente en la que dicho gen está implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores, y la expresión de dicho miPEP codificado por el ácido nucleico introducido en la planta produce un mejor crecimiento de la planta transgénica con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho ácido nucleico.

En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el grupo que consiste en:

- 35 - SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
- SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
- SEQ ID NO: 424.

40 En otro aspecto, la solicitud también describe una planta transgénica que comprende un vector, conteniendo dicho vector un ácido nucleico que permite la expresión de una transcripción primaria de miR, conteniendo dicha transcripción primaria del miR una fase de lectura abierta que codifica un miPEP, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho miR en dicha planta, en el que el miR regula la expresión de al menos un gen en dicha planta, la expresión de dicho miPEP codificado por el vector introducido en la planta produce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho vector.

45 En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico es de origen endógeno.

Si dicho ácido nucleico es de origen endógeno, al menos una copia de dicho ácido nucleico ya está presente de manera natural en la planta, independientemente del vector introducido en la planta.

En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente en la que dicho ácido nucleico es de origen exógeno.

50 Si dicho ácido nucleico es de origen exógeno, no hay presente de manera natural ninguna copia de dicho ácido nucleico en la planta.

En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente en la que dicho gen está implicado en el desarrollo de las partes vegetativas o reproductoras de la planta, principalmente las raíces, el tallo, las hojas o las flores, y la expresión de dicho miPEP codificado por el ácido nucleico introducido en la

planta produce un mejor crecimiento de la planta transgénica con respecto a una planta idéntica en la que no se ha introducido dicho ácido nucleico.

En una realización, la solicitud también describe una planta transgénica tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el grupo que consiste en:

- 5
- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
 - SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
 - SEQ ID NO: 424.

En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición que comprende en combinación con una cantidad de semillas de una planta y una cantidad de un péptido en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP presente de manera natural en dicha planta.

En una realización, la descripción se refiere a una composición tal como se define posteriormente, en la que dicho miPEP se escoge de entre el grupo que consiste en:

- 15
- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 101,
 - SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
 - SEQ ID NO: 424.

En una realización, la invención se refiere a una composición que comprende en combinación una cantidad de semillas de una planta y una cantidad de un péptido en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP presente de manera natural en dicha planta escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en: SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76.

En una realización, la invención se refiere a una composición que comprende en combinación una cantidad de semillas de una planta, principalmente *A. thaliana*, y una cantidad de un péptido cuya secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la del AtmiPEP164a1.

En una realización, la invención se refiere a una composición que comprende en combinación una cantidad de semillas de una planta, principalmente *A. thaliana*, y una cantidad de un péptido cuya secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la del AtmiPEP319a1.

En una realización, la invención se refiere a una composición que comprende en combinación una cantidad de semillas de una planta, principalmente *M. truncatula*, y una cantidad de un péptido cuya secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la del MtmPEP171b.

En una realización, la invención se refiere a una composición tal como se define posteriormente formulada de manera que forme una semilla revestida.

El revestimiento se puede realizar según los procedimientos utilizados clásicamente en la industria agroalimentaria y se puede obtener utilizando un material apto para disgregarse en un disolvente o en la tierra, tal como un aglutinante o arcilla.

Según la invención, el revestimiento puede utilizarse para, por ejemplo, conferir propiedades particulares a una composición de miPEP, o también a una composición de semillas en combinación con un miPEP.

En una realización, la invención se refiere a una composición tal como se define posteriormente formulada de manera que forme una semilla revestida que comprende el MtmPEP171b.

En una realización, la invención se refiere a una composición tal como se define posteriormente formulada de manera que forme una semilla revestida que comprende el AtmiPEP164a1.

En una realización, la invención se refiere a una composición tal como se define posteriormente formulada de manera que forme una semilla revestida que comprende el AtmiPEP319a1.

En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición farmacéutica que comprende al menos:

- 45
- un miPEP tal como se define posteriormente,
 - un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico, y un excipiente farmacéuticamente aceptable.

En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición que comprende al menos:

- 50
- un miPEP tal como se define posteriormente
 - un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico.

para su utilización como un medicamento, principalmente para el ser humano o para los animales. La utilización de las composiciones de la invención se puede aplicar en medicina humana y en medicina veterinaria.

En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición que comprende al menos:

- 5 - un miPEP tal como se define posteriormente
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

para su utilización en la prevención y/o el tratamiento de una patología que implica la desregulación de la expresión de un gen del paciente, estando regulada la expresión de dicho gen por un microARN cuya acumulación está modulada por dicho miPEP.

- 10 En una realización, la descripción se refiere a la utilización tal como se define posteriormente en la que dicha patología se escoge de entre el cáncer, la diabetes, la obesidad, las enfermedades infecciosas y las enfermedades neurodegenerativas.

- 15 En una realización, la descripción se refiere a la composición tal como se define posteriormente, en la que dicha patología se escoge de entre: el cáncer, la diabetes, la obesidad, las enfermedades infecciosas, las enfermedades neurovegetativas, las enfermedades cardiovasculares y las enfermedades autoinmunitarias.

En una realización, la descripción se refiere a la composición tal como se define posteriormente, en la que dicha patología se escoge de entre: el cáncer, la diabetes, la obesidad, las enfermedades infecciosas, y las enfermedades neurovegetativas, o que se escogen entre las enfermedades cardiovasculares y las enfermedades autoinmunitarias.

- 20 En una realización, la descripción se refiere a la composición tal como se define posteriormente en la que dicha patología se escoge de entre las enfermedades cardiovasculares y las enfermedades autoinmunitarias.

En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define posteriormente,
- un ácido nucleico que codifica dicho miPEP, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico.

- 25 para su utilización en la prevención y/o el tratamiento de una infección en un animal o un ser humano por un organismo parasitario, teniendo dicho organismo parasitario un gen cuya expresión está regulada por un micro ARN cuya acumulación está modulada por dicho miPEP.

- 30 En otro aspecto, la descripción se refiere a un miPEP de 4 a 100 aminoácidos, o de 3 aminoácidos, codificado por una secuencia de nucleótidos contenido en la transcripción primaria de un microARN, siendo capaz dicho miPEP de modular la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota, mediante su utilización como un medicamento.

En otro aspecto, la solicitud también describe un anticuerpo que reconoce específicamente un miPEP.

En particular, la solicitud también describe un anticuerpo que reconoce específicamente el AtmiPEP165a.

En particular, la solicitud también describe un anticuerpo que reconoce específicamente el MtmPEP171b.

- 35 En particular, la solicitud también describe un anticuerpo que reconoce específicamente el AtmiPEP164a1.

En particular, la solicitud también describe un anticuerpo que reconoce específicamente el AtmiPEP319a1.

Dicho anticuerpo puede obtenerse a partir de un procedimiento conocido por el experto, como por ejemplo, inyectando dicho miPEP a un animal no humano para desencadenar una reacción de inmunización y la producción de anticuerpos por dicho animal.

- 40 En otro aspecto, la solicitud también describe un procedimiento de inmunolocalización de un miPEP que comprende una etapa de marcado de una muestra biológica de una planta con un anticuerpo que reconoce específicamente un miPEP.

En particular, la solicitud también describe

- 45 un procedimiento de inmunolocalización del AtmiPEP165a con ayuda de un anticuerpo que reconoce específicamente el AtmiPEP165a.

En particular, la solicitud también describe un procedimiento de inmunolocalización del MtmPEP171b con ayuda de un anticuerpo que reconoce específicamente el MtmPEP171b.

En particular, la solicitud también describe un procedimiento de inmunolocalización del AtmiPEP164a1 con ayuda de un anticuerpo que reconoce específicamente el AtmiPEP164a1.

En particular, la solicitud también describe un procedimiento de inmunolocalización del MtmPEP319a1 con ayuda de un anticuerpo que reconoce específicamente el AtniPEP319a1.

En otro aspecto, la descripción se refiere a un anticuerpo que reconoce específicamente un miPEP según la invención, mediante su utilización como un medicamento.

- 5 En otro aspecto, la descripción se refiere a una composición farmacéutica que comprende un anticuerpo que reconoce específicamente un miPEP según la invención y un excipiente farmacéuticamente aceptable.

En otro aspecto, la solicitud también describe un protocolo de producción de un péptido recombinante, cuya secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP tal como se define posteriormente, que comprende una etapa de transformación de un organismo con un vector de expresión que codifica dicho péptido recombinante.

- 10 En una realización, dicho organismo se escoge de entre el grupo que comprende las bacterias, las levaduras, los hongos (distintos de levaduras), las células animales, las plantas y los animales.

En una realización, dicho organismo es *Escherichia coli*.

En particular, la solicitud también describe un protocolo de producción de un péptido recombinante tal como se define posteriormente, que comprende las siguientes etapas:

- 15 - el ácido nucleico que codifica dicho péptido recombinante está unido a un marcador de ácido nucleico codificante, tal como la GST,
 - el vector de expresión que contiene dicho ácido nucleico que codifica dicho péptido recombinante se introduce en la bacteria *E. coli*,
 - la bacteria *E. coli* que contiene el vector de expresión se cultiva en un medio LB de preferencia hasta una DO que
 20 comprende entre 0,2 y 0,4,
 - la producción del péptido recombinante se induce con IPTG, preferentemente durante 4 a 5 horas,
 - las bacterias *E. coli* se centrifugan y se lisan,
 - el sobrenadante se filtra,
 - dicho péptido recombinante se purifica sobre una columna de sepharose de afinidad con glutatión,
 25 - si es necesario, escindir la GST con una proteasa.

El conjunto de secuencias de miPEP, miORF, miR y las transcripciones primarias de los miR se indican en las tablas 1, 2, 3, 4, 5 y 6.

La tabla 7 presenta un análisis del polimorfismo de la secuencia de ADN de diferentes regiones del pri-miR171b se define un haplotipo cuando difiere al menos un aminoácido de otros haplotipos).

Tabla 1. Lista de los miPEP (miPEP) potenciales

miPEP (p/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP156a1 (10,57 / 3824)	miR156a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MFC ^C SIQC ^V ARH ^L FL ^P LHVRE ^I KKATRAI KKGK ^T IL	SEQ ID NO: 1
AtmiPEP156a2	miR156a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MRRQTSVPFACKRDKESDKSHKER	SEQ ID NO: 2
AtmiPEP156a3	miR156a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MV ^M MF ^L DL ^D L ^D KN ^P RF ^D LL ^K GL ^K W ^N L ^F SSHIS ^P SL ^P PSL	SEQ ID NO: 3
AtmiPEP156cl (8,5 / 1359)	miR156c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>SPL</i> , implicado en el desarrollo del tallo y la floración	MKDNF ^L LLRL	SEQ ID NO: 4
AtmiPEP156c2	miR156c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MSDD	SEQ ID NO: 5
AtmiPEP156e1 (4,03 / 1818)	miR156e	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MIYINKYGSISAVEDD	SEQ ID NO: 6
AtmiPEP156f1 (9,5 / 520)	miR156f	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MSQR	SEQ ID NO: 7
AtmiPEP159a	miR159a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MTCPLLSLSFLLSKYI	SEQ ID NO: 8
AtmiPEP159a1 (8,34 / 1898)	miR159a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MTWPLLSLSFLLSKYV	SEQ ID NO: 9
CmiPEP159a	miR159a	<i>Capsella rubella</i>	Familia del gen <i>MYB</i> , implicado en la germinación y la	MTCTLSALSLSLNMFRVN	SEQ ID NO: 10

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP159b1 (5,27 / 659)	miR159b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	floración	MFYLS	SEQ ID NO: 11
AtmiPEP159b2	miR159b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVNTSSFFISSFILPLVLSNCLLFTI YKFSMVLY	SEQ ID NO: 12
AtmiPEP160a1 (8,02 / 2936)	miR160a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>ARF</i> , implicado en la germinación, el desarrollo y la floración	MFCLLIPIFSVFSPNRHLRLQEQ	SEQ ID NO: 13
AtmiPEP160b1 (5,28 / 608)	miR160b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MFSPQ	SEQ ID NO: 14
AtmiPEP160b2	miR160b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MKYIHILILFKSRSTYKLSTNHI	SEQ ID NO: 15
AtmiPEP161 (10 / 1199)	miR161	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>PPR</i>	MKIPLFLPKL	SEQ ID NO: 16
AtmiPEP162a1 (4,03 / 3045)	miR162a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Gen <i>DCL1</i> , implicado en el desarrollo	MVSGQEDSWLKLSSLCLFLSLDLSLI	SEQ ID NO: 17
(5,71/4114)	AtmiPEP162b1 miR162b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MFLILFLRLIMICVCSSTDFLRSVNYFC LFYIDL	SEQ ID NO: 18

(continuación)					
miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP163-1 (6,5 / 1076)	miR163	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>SAMT</i> , implicado en la producción de metabolitos secundarios	MSTTQEHS	SEQ ID NO: 19
AtmiPEP163-2	miR163	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MILKCWSSRFLRVSPYQNAHSLSLG	SEQ ID NO: 20
AlmiPEP164a1	miR164a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MPLAVIRQGIVWP	SEQ ID NO: 21
AlmiPEP164a2	miR164a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MPSWHDMLLPYVKHTHANTRHIT	SEQ ID NO: 22
AlmiPEP164a3	miR164a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MTWFFCLT	SEQ ID NO: 23
AtmiPEP164a1 (7,05 / 4256)	miR164a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MPSWHGMVLLPYVKHTHASTHTHTH NIYGCACELVFH	SEQ ID NO: 24
AtmiPEP164a2	miR164a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MAWYGSFALRKTHSRQHTHTHT	SEQ ID NO: 25
AtmiPEP164a3	miR164a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVWFFCLT	SEQ ID NO: 26

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
BmiPEP164a1	miR164a	<i>Brassica rapa</i>	Familia del gen NAC, implicado en el desarrollo radicular, foliar y floral	MMILWK	SEQ ID NO: 27
BmiPEP164a2	miR164a	<i>Brassica rapa</i>		MLWAKLVSFSTLHSLVFLSPSFA	SEQ ID NO: 28
BmiPEP164a3	miR164a	<i>Brassica rapa</i>		MPSWHGIVILPFVKHITHANIHYSYSC VCI	SEQ ID NO: 29
CpmiPEP164a1	miR164a	<i>Carica papaya</i>		MIACHPYLPFPLFLSLTFYSIFFSPSPPS PSLPL	SEQ ID NO: 30
CpmiPEP164a2	miR164a	<i>Carica papaya</i>		MPSLLAFSPFPFSNILLNLLLPLPPFPLS AITHIKPLSLSLPLSLSGFSV	SEQ ID NO: 31
CrmPEP164a1	miR164a	<i>Capsella rubella</i>		MELKGLRTWQLDKV	SEQ ID NO: 32
CrmPEP164a2	miR164a	<i>Capsella rubella</i>		MPSWHGMACFYCLT	SEQ ID NO: 33
CrmPEP164a3	miR164a	<i>Capsella rubella</i>		MAWHGMFLLPYVKHITHANTYSLYM	SEQ ID NO: 34

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
GmPEP164a1	miR164a	<i>Gossypium raimondii</i>		MMRSRLKFQYRFGMGIGGRKQLKN QLCQIQGRIS	SEQ ID NO: 35
GmPEP164a2	miR164a	<i>Gossypium raimondii</i>		MSNSRSYQLK	SEQ ID NO: 36
GmPEP164a3	miR164a	<i>Gossypium raimondii</i>		MNEDLEISTRKRTPQLC	SEQ ID NO: 37
MtmiPEP164a1	miR164a	<i>Medicago truncatula</i>		MPKFDIFFYIFV	SEQ ID NO: 38
MtmiPEP164a2	miR164a	<i>Medicago truncatula</i>		MSYISLSPKLLPINTKPPWLVQENFY FSSNTKCNKHLHFLGEKLLVGEAGHVQ ILFLIHSLIMHINIFCTCSPSPTRLPHPSL	SEQ ID NO: 39
OsmiPEP164a1	miR164a	<i>Oryza sativa</i>		MQTHSNTQPQSTYSLSLSE	SEQ ID NO: 40
OsmiPEP164a2	miR164a	<i>Oryza sativa</i>		MCVCDINMHSMLMLL	SEQ ID NO: 41
AltmiPEP165a	miR165a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MRIKLFQLRGMLSGSRILYYTVCVC	SEQ ID NO: 42

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP165a (12,3/2105)	miR165a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>HD-ZIPIII</i> , implicado en el desarrollo vascular, radicular, foliar, floral, nodulación	MRVKLFQLRGMLSGSRIL	SEQ ID NO: 43
BomiPEP165a	miR165a	<i>Brassica carinata</i>		MRMKLFQLRGMLSGSRILYIHKYVY MLIQVFDHICI	SEQ ID NO: 44
BjmiPEP165a	miR165a	<i>Brassica juncea</i>		MRMKLFQLRGMLSGSRILYIHKYVYI C	SEQ ID NO: 45
BnmiPEP165a	miR165a	<i>Brassica napus</i>		MRMKLFQLRGMLSGSRILYIHKYVY MIQVFDHICI	SEQ ID NO: 46
BomiPEP165a	miR165a	<i>Brassica oleracea</i>		MRMKLFQLRGMLSGSRILYIHKYVY MLIQVFDHICI	SEQ ID NO: 47
BmiPEP165a	miR165a	<i>Brassica rapa</i>		MRMKLFQLRGMLSGSRILYIHKYVYI C	SEQ ID NO: 48
AtmiPEP166a (4,68 / 2372)	miR166a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MLDLFRSNNRIEPSDFRFD	SEQ ID NO: 49
AtmiPEP166b (9,35 / 576)	miR166b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MRDR	SEQ ID NO: 50

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP167a (11 / 1148)	miR167a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>ARF</i> , implicado en el desarrollo radicular y floral	MNRKISLSLS	SEQ ID NO: 51
AtmiPEP167b1 (5,27 / 891)	miR167b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MMGCFVGF	SEQ ID NO: 52
AtmiPEP167b2	miR167b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MQEETYEG	SEQ ID NO: 53
AtmiPEP169c1 (9,3 / 7110)	miR169c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen del factor CCAAT-binding, implicado en la nodulación, la resistencia a la sequía, la resistencia a la carencia de nitrógeno	MPHTNLKDLFIFSPNVFFSEFAIYLHNS WNKNYHKKRENFHNTSFALIFFSSIM SINYG	SEQ ID NO: 54
AtmiPEP169c2	miR169c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MAFFRLLFISTILGTTFTTNERIFTTPL LLSFFFFRPL	SEQ ID NO: 55
AtmiPEP1691 (8,52 / 786)	miR1691	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MRHKES	SEQ ID NO: 56
AtmiPEP171a1 (11,05 / 4057)	miR171a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MNLLKKERQRRRQRSIGSHCIASLVL KDGVMKKI	SEQ ID NO: 57
AtmiPEP171b (8,5 / 995)	miR171b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVLSGKLTF	SEQ ID NO: 58

(continuación)					
miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
MtmiPEP171b1	miR171b	<i>Medicago truncatula</i>	Familia del gen GRAS, implicado en el desarrollo floral, foliar, radicular, la micorrización, la nodulación	MLLHRLSKFCKIERDIVVIS	SEQ ID NO: 59
MtmiPEP171b2	miR171b	<i>Medicago truncatula</i>		MKIEE	SEQ ID NO: 60
ZmmiPEP171b	miR171b	<i>Zea mays</i>		MHLPTSPSRPPQHTLSLFLGKEMTKG TTTACFG	SEQ ID NO: 61
AtmiPEP171c1 (6,68 / 1187)	miR171c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MLSLSHFHC	SEQ ID NO: 62
MtmiPEP171e	miR171e	<i>Medicago truncatula</i>		MMVFGKPKKAMLVRFNPKTDLHV	SEQ ID NO: 63
MtmiPEP171h	miR171h	<i>Medicago truncatula</i>	Familia del gen AP2, implicado en el desarrollo floral	MASAAKVYMA	SEQ ID NO: 64
AtmiPEP172a1 (8,5/734)	miR172a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MASKIW	SEQ ID NO: 65
AtmiPEP172a3	miR172a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVRFQLSIRD	SEQ ID NO: 66

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID
AtmiPEP172b1 (7,9/1621)	miR172b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MCTYYYLINKYF	SEQ ID NO: 67
AtmiPEP172c1 (7,98 / 1367)	miR172c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MFPAKWCRLES	SEQ ID NO: 68
AtmiPEP172e1 (8,35/2452)	miR172e	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MGSLSLFKSQLEILMLLSLSK	SEQ ID NO: 69
AtmiPEP172e2	miR172e	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MSVYIHVPISLNCFSKSSC	SEQ ID NO: 70
AtmiPEP172e3	miR172e	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MGVFNFRPRNR	SEQ ID NO: 71
AcmiPEP319a1	miR319a	<i>Arabidopsis cebernensis</i>		MRSRVSFFFFKIMLFRLLGYRSM	SEQ ID NO: 72
AcmiPEP319a2	miR319a	<i>Arabidopsis cebernensis</i>	Familia del gen <i>TCP</i> , implicado en el	MHTYHTISNISSIFCCKRSFSPTFYIRI IVVIDPFRIALTFR	SEQ ID NO: 73
AhmiPEP319a	miR319a	<i>Arabidopsis halleri</i>		MRSRVSLFLSFSNFAAYSPRS	SEQ ID NO: 74

(continuación)

miPEP (p/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP319a	miR319a	<i>Arabidopsis lyrata</i>		MHTYIPSSSPISNISSVFICYKRSPY TYIRIIVVIDPFRIALTFR	SEQ ID NO: 75
AtmiPEP319a1 (6,56/5917)	miR319a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MNIHTYHHLLFPLSVFHQSSDVPNALS LHHITYEYIIVVIDPFRITLAFR	SEQ ID NO: 76
AtmiPEP319a2	miR319a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MFQTLYLFIYIHTNILLLS	SEQ ID NO: 77
BmiPEP319a	miR319a	<i>Brassica rapa</i>		MFKLYFSAILSTQYMHYHHRIALIFL SILYPSTNYLMSPILNPT	SEQ ID NO: 78
CpmiPEP319a	miR319a	<i>Carica papaya</i>		MKIKLGFSLIKIILLDKNS	SEQ ID NO: 79
CmiPEP319a	miR319a	<i>Capsella rubella</i>		MHPHTYIHPSSSFLISSFCL	SEQ ID NO: 80
EgmiPEP319a	miR319a	<i>Eucalyptus grandis</i>	desarrollo floral y foliar	MKHIQRWRYGETSGRQGDWKRLEIK VHSNPSLKVKKNTNFFSSL	SEQ ID NO: 81
GmiPEP319a	miR319a	<i>Gossypium raimondii</i>		MIHFNLQWRAICMANFHLYTSFLFG VL	SEQ ID NO: 82

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
MtmiPEP319a	miR319a	<i>Medicago truncatula</i>		MHVYLELFMVIKGLGLLLVK	SEQ ID NO: 83
OsmiPEP319a	miR319a	<i>Oryza sativa</i>		MEMIQRPCILIKFFFKLSTLYIP	SEQ ID NO: 84
PpmiPEP319a	miR319a	<i>Physcomitrella patens</i>		MFHRRSSVLLPPFGQTQPNPRCLPDL RFPSCFTPCTA	SEQ ID NO: 85
ThmiPEP319a1	miR319a	<i>Thellungiella halophila</i>		MTICKVSKACFYAGKIENSRLIKKIGIP KREGAPSPIRENQ	SEQ ID NO: 86
ThmiPEP319a2	miR319a	<i>Thellungiella halophila</i>		MEIQKKKNLYMNTQKLPNLYIYIYK YVFIKLMVVE	SEQ ID NO: 87
AtmiPEP319b1 (8,04/5120)	miR319b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVPQINLWSSRVILKIRIDSSSTHREED HCIQNHKHGLSFISF	SEQ ID NO: 88
AtmiPEP394a1 (9,7 / 1977)	miR394a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen F-box, implicado en el desarrollo foliar y resistencia a la sequía	MSLQFYERVVSFKNTVK	SEQ ID NO: 89
AtmiPEP395c1 (3,58 / 1429)	miR395c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia de los genes APS y AST, implicados en la germinación y el metabolismo del azufre	MTEQEESQMST	SEQ ID NO: 90

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP395e1 (9,98/4700)	miR395e	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MYLQYIDNVISYISNNRRVGRMFESRV PLSTSLEIQFFIK	SEQ ID NO: 91
AtmiPEP397b1 (4,53/1418)	miR397b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia de los genes de lacasas, implicados en el metabolismo del cobre, su expresión negativa mejora el crecimiento	MSKEIFFSPGFE	SEQ ID NO: 92
AtmiPEP398c1	miR398c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen CSD, implicado en el metabolismo del cobre, su expresión negativa mejora el crecimiento	MRTHEQSTAITTLRHCSRFMCQV TPAELFLYRPFINAVAR	SEQ ID NO: 93
AtmiPEP399b (11 / 678)	miR399b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen PH02, implicado en el metabolismo del fósforo	MKRNM	SEQ ID NO: 94
AtmiPEP399d1 (4 / 622)	miR399d	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MQCEI	SEQ ID NO: 95
AtmiPEP403 (5,27470)	miR403	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen AGO	MFCA	SEQ ID NO: 96
AtmiPEP447a1 (6,69/724)	miR447a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia de genes de fosfoglicerato cinasa	MVMAHH	SEQ ID NO: 97
AtmiPEP447a2	miR447a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MMKPRWNCSLYGITEWTNNQNQKSK RKGRKTKQWRIGDRDLDTVECTLML SAY	SEQ ID NO: 98

(continuación)

miPEP (p/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP447b1 (4/1155)	miR447b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MLLIIVLV	SEQ ID NO: 99
AtmiPEP447b2	miR447b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MLCFNFRVRRFAE	SEQ ID NO: 100
AtmiPEP447c	miR447c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MYTYQLDNSFSWFLCTRI ⁺ CLYRYTLI ⁺ NFRCFRRFSE	SEQ ID NO: 101
DmmiPEP1 a	miR1	<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>Diferenciación muscular</i>	MWREVCQAQKSQTKRRNFITGNQR RNKTKANRKAETKQQKVYEFFVQ ARERCKTRKKHEKTKLKKTKKIQ NRYRAVSENEWGKGFPISHI	SEQ ID NO: 102
DmmiPEP1b	miR1	<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>Diferenciación muscular</i>	MRTKKSNNKKAQFYYGQPTTKQNK SQPKSRNKAAKSL	SEQ ID NO: 103
DmmiPEP8	miR8	<i>Drosophila melanogaster</i>	Crecimiento	MEPGFVFLFPTHLSTQHTQREKSI LVMGLNLQSAKQSDKQNSKERKK NTQINSQRIPYRQGGQCSKVLSP	SEQ ID NO: 104
HsmiPEP155	miR155	<i>Homo sapiens</i>	inflamación	MEMALMVAQTRKGKSVV	SEQ ID NO: 355
AtmiPEP157c (5.95 / 1776)	miR157c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen <i>SPL</i> , implicado en el desarrollo del tallo y la floración	MMLHITHRFESDVGC	SEQ ID NO: 375

(continuación)

miPEP (pl/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID
AtmiPEP157d (5,27/524)	miR157d	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MLYV	SEQ ID NO: 376
AtmiPEP160c (9,98 / 1790)	miR160c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen ARF, implicado en la germinación, el desarrollo y la floración	MFMRRLVYNNIYI	SEQ ID NO: 377
AtmiPEP164b (4,72 / 1949)	miR164b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen NAC, implicado en el desarrollo radicular, foliar y floral	MMKVCDEQDGEAGHVHY	SEQ ID NO: 378
AtmiPEP166c (10,42/3407)	miR166c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen HD-ZIPIII, implicado en el desarrollo vascular, radicular, foliar, floral, nodulación	MKKRITRINLEEQIKKTLDDSRTRL HSP	SEQ ID NO: 379
AtmiPEP166d (8,35 / 1125)	miR166d	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MKKIGSIDSF	SEQ ID NO: 380
AtmiPEP169a (9,5/784)	miR169a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen del factor CCAAT-binding, implicado en la nodulación, la resistencia a la sequía, la resistencia a la carencia de nitrógeno	MTCRFK	SEQ ID NO: 381
AtmiPEP169h1 (5,28/349)	miR169h	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MVT	
AtmiPEP169h2	miR169h	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MKNENLCGSQG	SEQ ID NO: 382
AtmiPEP169n (8,96/5315)	miR169n	<i>Arabidopsis thaliana</i>		MKCM MM KKRGLTWRKASCLVAKD DLPDLFRLHDSISNSCILDYYTF	SEQ ID NO: 383

(continuación)

miPEP (p/tamaño PM)	miR	Organismo	Genes diana del miR	Secuencia del miPEP	SEQ ID NO:
AtmiPEP170 (5,75/879)	miR170	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen GRAS, implicado en el desarrollo floral, foliar, radicular, la micorrización, la nodulación	MFPRESL	SEQ ID NO: 384
AtmiPEP396a (5,3/3636)	miR396a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia de los genes GRF implicados en el desarrollo radicular y la proliferación celular, la micorrización	MTLSVFFHSFLELQNFFRFFFSFDI SYA	SEQ ID NO: 385
AtmiPEP399c (8,66/2703)	miR399c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Familia del gen PHO2, implicado en el metabolismo del fósforo	MSLAKGELPCHCFRLNTVYNRFC	SEQ ID NO: 386
MtmiPEP169d	miR169d	<i>Medicago truncatula</i>	Familia de los genes NF-YA (o FIAP2)	MVKESFMERLKV R	SEQ ID NO: 424

Tabla 2. Lista de miORF

[illegible]

(continuación)			Seq ID
miPEP	Organismo	Secuencia de la miORF	SEQ ID
AtmiPEP162a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTATCTGGTCAAGAAGATTCTCTGGTTAAAACTTTTCATCTCTCT GTTCCCTTTTCTTTCTTTGTTGGATTCAATTAATTGA	SEQ ID NO: 121
AtmiPEP162b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTTCTTTTAATCTTTTGGAGATTAATAATGATTGTGTGTGTTCT ATCAACCGATTCTTCAGATCTGTCAATTATTTTGTATTATTTATTT ATGATTATGA	SEQ ID NO: 122
AtmiPEP163-1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTCCACTACTCAAGAGCATAGGTCTTGA	SEQ ID NO: 123
AtmiPEP163-2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGATATACTAAAGTGTGGAGTTCCCGGTTCTCTGAGAGTGAGTCCA TATCAAAATGCGCATTCGTATACACTTGGTTGA	SEQ ID NO: 124
AlmiPEP164a1	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ATGCCCTTAGCAGTTATTAGACAAGGGATTGTTGGCCCTAG	SEQ ID NO: 125
AlmiPEP164a2	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ATGCCATCATGGCATGACATGGTCTTTTGGCTTACGTAAAAACAC ACTCACGCCAACACACGCCACATAACATAA	SEQ ID NO: 126
AlmiPEP164a3	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ATGACATGGTCTTTTGGCTTACGTAA	SEQ ID NO: 127
AtmiPEP164a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCCATCATGGCATGGTATGGTCTTTTGGCTTACGTAAAAACAC ACTCACGCCAGCACACACACACACATAACATATACGGATG TGCGTGTGAGCTAGTCTTCCATTAA	SEQ ID NO: 128
AtmiPEP164a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGCATGGTATGGTCTTTTGGCTTACGTAAAAACACACTCAGCG CAGCACACACACACACACATAA	SEQ ID NO: 129
AtmiPEP164a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTATGGTCTTTTGGCTTACGTAA	SEQ ID NO: 130
BmiPEP164a1	<i>Brassica rapa</i>	ATGATGATAATTTTGTGGAAATAA	SEQ ID NO: 131
BmiPEP164a2	<i>Brassica rapa</i>	ATGCTTTGGGCCAAAGCTAGTTTCTTTTGGCACTCTTCACTCACTAG TTTTTCTTCTCAGCCCTTCTTTTGGCGTGA	SEQ ID NO: 132
BmiPEP164a3	<i>Brassica rapa</i>	ATGCCATCATGGCATGGCATTTGTCTATTTTGGCTTTCGTAAAAACAC ACTCACGCCAACACATATATTCATATTCATGTGTATGTATATGA ATGCCATCATGGCATATGCCATCATGGCAT	SEQ ID NO: 133
CpmiPEP164a1	<i>Carica papaya</i>	ATGATTGCATGCCATCCCTACTTGGCTTTTCCCTTTTCCCTTCTCT AACATTTTACTCAATCTTCTTCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCTC TGCCATTATAA	SEQ ID NO: 134
CpmiPEP164a2	<i>Carica papaya</i>	ATGCCATCCCTACTTGGCTTTTCCCTTTTCCCTTCTCTCAACATTTT ACTCAATCTTCTTCTCCCTTCCCTCCCTTCCCTTCTCTGCGCATTA TAACCATAAATTAACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT CTCTCTGGTCTCAGTATAA	SEQ ID NO: 135

miPEP	Organismo	(continuación) Secuencia de la miORF	SEQ ID
Cm1PEP164a1	<i>Capsella rubella</i>	ATGGAATTAAAAGTTTGAGAACTTGGCAGTTATTAGACAAAGGTA TAG	SEQ ID NO: 136
Cm1PEP164a2	<i>Capsella rubella</i>	ATGCCATCATGGCATGGCATGTCATGTTTCTATTGCCCTTACGTAA	SEQ ID NO: 137
Cm1PEP164a3	<i>Capsella rubella</i>	ATGGCATGGCATGTTTCTATTGCCCTTACGTAAAAACACACTCACGC CAACACATACTCACTATACATGTAATAAGTATGTGCGCGTGTGA	SEQ ID NO: 138
Gm1PEP164a1	<i>Gossypium raimondii</i>	ATGATGAGATCAAGAATTTTAAAGTTTCAATATAGATTGGCATG GGTATTGGCGGCAGAAAGCAATTAAAAAACCAAGTTATGTCAAAT TCAAGGTCGTATCAGTTAA	SEQ ID NO: 139
Gm1PEP164a2	<i>Gossypium raimondii</i>	ATGTCAAATCAAGGTCGTATCAGTTAAATGA	SEQ ID NO: 140
Gm1PEP164a3	<i>Gossypium raimondii</i>	ATGAATGAAGATTTAGAAATTTCAACAAGGAAGAGGACCCACA GCTTTGTAA	SEQ ID NO: 141
Mt1PEP164a1	<i>Medicago truncatula</i>	ATGCCCCAAATTGATATTTTTTTTTTATATATTGTGTATAG	SEQ ID NO: 142
Mt1PEP164a2	<i>Medicago truncatula</i>	ATGTCATATATCTCTCTCTCTCTAAAGTTGCTACCTATAAATACTA AGCCTTCCCTTGGTTGGTTCAATTCAAACTCTACTCTCATCAGAA CACAAAAGTGCAATAAGCTTCAATTTCCTGGGTGAGAAAGCTCCTGT TGGAGAAAGCAGGCGACGTGCAGAAATCCCTCTTCTGATTCATCTCT CATATGCATATCAATAATCTTTTGGACGTGCTCCCCCTCTCCAACT AGG	SEQ ID NO: 143
Os1PEP164a1	<i>Oryza sativa</i>	ATGCAAAACCCACTCCAACTCCACAAATCCACATACTCTCTCTCT CTCTCTCTCTGAGTAG	SEQ ID NO: 144
Os1PEP164a2	<i>Oryza sativa</i>	ATGTGTGTGTGTGATATCAATATGCATTGCGATGTTGATGCTACTGT AG	SEQ ID NO: 145
Al1PEP165a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ATGAGAAATTAAGCTATTTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATACATATATACATGTGTATGTGA	SEQ ID NO: 146
At1PEP165a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGGGTTAAGCTATTTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATAG	SEQ ID NO: 147
Bc1PEP165a	<i>Brassica carinata</i>	ATGAGAAATGAAGCTATTTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATATACACAAATACGTATATATGTTAATACAAGTG TTTGAATCATATATGATATATAG	SEQ ID NO: 148

(continuación)			
miPEP	Organismo	Secuencia de la miORF	SEQ ID
BjmiPEP165a	<i>Brassica juncea</i>	ATGAGAATGAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATATACACAAATATGTATATATATGTTAA	SEQ ID NO: 149
BnmiPEP165a	<i>Brassica napus</i>	ATGAGAATGAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATATACACAAATACGTATATATATGATAATACAAGTG TTTGATCATATATGTATATAG	SEQ ID NO: 150
BomiPEP165a	<i>Brassica oleracea</i>	ATGAGAATGAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATATATACACAAAGTACGTATATATGTTAAATACAAAGTG TTTGATCATATATGTATATAG	SEQ ID NO: 151
BnmiPEP165a	<i>Brassica rapa</i>	ATGAGAATGAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGTTGCTGGATCG AGGATATTATATACACAAATATGTATATATATGTTAA	SEQ ID NO: 152
AtmiPEP166a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTGGATCTCTTTTCGATCTAACAAATCGAAATGAACTTCAGATT TCAGATTGATTAG	SEQ ID NO: 153
AtmiPEP166b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGAGATAGATAA	SEQ ID NO: 154
AtmiPEP167a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAACAGAAAAATCTCTTTCTCTTTCTTTGTA	SEQ ID NO: 155
AtnuPEP167b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGATGGGTGTTTTGTGGGATTTTAA	SEQ ID NO: 156
AtmiPEP167b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCAGGAGGAACATATGAGGGGTGA	SEQ ID NO: 157
AtmiPEP169c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCCACATACAAAACCTTGAAAAGATCTCTTCATCTTTTCTCCAAATG TTTTTTTTTCGTTGCTATTATATCTCCACAATCTTGGAAACAAAA CTACATTCACAAAACGAGAGAAATTTTCACAAACCTCTTTTGCTCTC ATTTTTTTTTTCGTCCCATATAGAGTATTAAATTATGGTTAG	SEQ ID NO: 158
AtmiPEP169c2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTTTTTTTTCGTTTGCTATTATCTCCACAATCTTCTGGAAACAA AAACTACATTCACAAAACGAGAGAAATTTTCACAAACACCTCTTTTGC TCTCATTTTTTTTTTTCGTCCCATTAAGA	SEQ ID NO: 159
AtmiPEP169i1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGACATAAAGAGAGTTAA	SEQ ID NO: 160
AtmiPEP171a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAACCTCTCAAGAAAGGAAAAGACAGAGGAGGAGACAAAAAGAA GTATAGGTTTCACATTCGATAGCCAGTTTAGTTTTTGAAGGATGGAT ATATGAAAAAAAATATGA	SEQ ID NO: 161
AtmiPEP171b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTTCTCTCCGGTAAATTAACATTTTAG	SEQ ID NO: 162
MtmiPEP171b1	<i>Medicago truncatula</i>	ATGCTTCTTCATAGGCTCTCCAAATTTTGCAAAAATTGAAAAGAGAC ATAGTATATATATCTTAG	SEQ ID NO: 163
MtmiPEP171b2	<i>Medicago truncatula</i>	ATGAAGATTGAAGAGTAA	SEQ ID NO: 164

(continuación)			
miPEP	Organismo	Secuencia de la miORF	SEQ ID
ZmmiPEP171b	<i>Zea mays</i>	ATGCATCTGCCTTCAACTCCCTCTCGCCCCACCCCAACACACAT CTCTCTCTTTCTAGGGAAGAAATGACGAAGGGACGACGACG GCATGCTTCGGCTAG	SEQ ID NO: 165
AtmiPEP171c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTGCTCTTTCTCATTTTCATATCTGCTAA	SEQ ID NO: 166
MtmiPEP171e	<i>Medicago truncatula</i>	ATGATGCTGTTGGGAAGCCGAAAAAAGCGATGTTGGTGAGGTT CAATCCGAAGACGGATTACATGTATAG	SEQ ID NO: 167
MtmiPEP171h	<i>Medicago truncatula</i>	ATGGCTTCAGCTGCAAAAGTATACATGGCGTGA	SEQ ID NO: 168
AtmiPEP172a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGCTTCCAAGATCTGGTAA	SEQ ID NO: 169
AtmiPEP172a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTTAGGTTCCAACTAAGTATACGAGATTAA	SEQ ID NO: 170
AtmiPEP172b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTGTACGTACTATTATCTCATAAATAAATATTTTAA	SEQ ID NO: 171
AtmiPEP172c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTTCCAGCAAAATGGTCCGCTTTGAGTCTTGA	SEQ ID NO: 172
AtmiPEP172e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGGATCTCTCTCTTTATTAAAGTCAATTAGAGATCTTGATGC TACTTCTGTCCCTTTCCAAGTGA	SEQ ID NO: 173
AtmiPEP172e2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGTGTATATATTCATGTACCTATCTCTCTCAATTGCTTCTCAC CAAAATCATCTTGCTGA	SEQ ID NO: 174
AtmiPEP172e3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGGAGTCCCAACTTAGACCTCGAAACCGATAA	SEQ ID NO: 175
AcmiPEP319a1	<i>Arabidopsis cebennensis</i>	ATGAGATCTAGGGTTTCTTTCTTTTCTTCAAAAATCATGCTTTTTC GCTTGTAGGTTATAGATCCATGTAA	SEQ ID NO: 176
AcmiPEP319a2	<i>Arabidopsis cebennensis</i>	ATGCATACATACATACATACCACTCTCTAATATTTTCATCAATCTTCT TTTGTTCCAAACGCCCTTCTCTCCATTTACATACATACGAATCATTT GTTGTATAGATCCGTTTAGAATTGCCTTAACTTTAGATGA	SEQ ID NO: 177
AhmiPEP319a	<i>Arabidopsis halleri</i>	ATGAGATCTAGGGTTTCTTTTGTGTTTCTTCTGTTTCTTCTCAAAATTTTGC TGCATATCTCCCAAGAATCAIGA	SEQ ID NO: 178
AlmiPEP319a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ATGCATACATACATACCATCATCATCTTTTCCCATCTCTAATATTT CATCAGTCTTCTTTTGTGTACAAACGCTCTTCTTCGCCATATACATA CATAAGAAATCATGTGTGTGCATAGATCCGTTTAGAAATGCTTTAACT TTTAGATGA	SEQ ID NO: 179

miPEP	Organismo	(continuación) Secuencia de la miORF	SEQ ID
AtrmiPEP319a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAATATACATACATACCATCTCTCTCTTTCCCATCTCTAGTTT TTTCATCAATCTCTGATGTCCAAACGGCTCTATCTCTCATATACA TACATACGAATATATATGTGTGTCATAGATCCATTTAGAATCACT TTAGCTTTAGATGA	SEQ ID NO: 180
AtrmiPEP319a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTCCAAAACGGCTCTATCTCTTCATATACATACATACGAATATAT TATTGTTGCATAG	SEQ ID NO: 181
BirmiPEP319a	<i>Brassica rapa</i>	ATGTTTAAAGCTCTACTTCTCAGCAATTCTCTCCACCCCAATACATGC ATACATACCATCATCGTATCGCTCTAATTTTCTATCAATCTTGTA TCCTCCACAAATTATCTTATGTCTCCCATTTTAAATCCTACATAG	SEQ ID NO: 182
CpmiPEP319a	<i>Carica papaya</i>	ATGAAGATTAAATTAGGTTTTAGTCTTATTAAAGATTATTATATTAC TAGACAAAACAGTTAA	SEQ ID NO: 183
CirmiPEP319a	<i>Capsella rubella</i>	ATGCATCCACATACATACATACATATACCATCATCTCTCTTTCTCA TCTCTAGTTTTGTTTATAA	SEQ ID NO: 184
EgmiPEP319a	<i>Eucalyptus grandis</i>	ATGAAGCATATTCAAAGGTGGAGATATGGGGAGACTTCCGGAAAG GCAAGGGGATTGGAAAAGGCTCGAGATCAAAAGTGCATAGCAACC CTTCGCTAAAGGTGAAAAGAAATACGAATAACTTCAGTAGCTCAC TTTAA	SEQ ID NO: 185
GirmiPEP319a	<i>Gossypium raimondii</i>	ATGATCCATTTCAAACCTGTACACAGTGGAGAGCAATTTGTAAGCT AATTTCCATCTCACCTATCTTTTCTGTTTGGGGTCTCTAG	SEQ ID NO: 186
MtmiPEP319a	<i>Medicago truncatula</i>	ATGCATGTATATCTTGAAATTGTTTATGTTAATAAAGGGGTTAGGA TTTCTCCTTTTGGTGAAGTGA	SEQ ID NO: 187
OsmiPEP319a	<i>Oryza sativa</i>	ATGGAAATGATACAAAAGGCCGTGTTAAATTTTAAAAATTTTTTTTCA AACTTCAACACCTTACATCCCATAA	SEQ ID NO: 188
PpmiPEP319a	<i>Physcomitrella patens</i>	ATGTTCCACCGTCGGAGATCCTCGGTGCTGTACCCCGCTTCGGC CAAAACCAACCAACCCTAGGTGTCTGCCGGACCTCCGCTTCCCC TCCTGCTTCACCCCTGCACCGCTTAA	SEQ ID NO: 189
ThmiPEP319a1	<i>Thellungiella halophila</i>	ATGACGATATGTAAAGTAAAGCAAGGCATGTTTTTATGCAGGGAA GATTGAAAATTCAAGATTAAATCAAGAAAATTTGGAATACCAAAAA GAGAGGGAGCTCCCTTCAGTCCAAATCAGAGAGAAATCAATGA	SEQ ID NO: 190

miPEP	Organismo	Secuencia de la miORF (continuación)	SEQ ID
ThmiPEP319a2	<i>Thellungiella halophila</i>	ATGGAGATTCAAATTAAGGTCGTGGAATAG	SEQ ID NO: 191
AtmiPEP319b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTACCTCAAATTAATCTATGGTCATCTAGGGTTATCTTGAAG ATTAGAATTGATTTAGCAGCACAGAGAGGAAGATCATTGCATC CAGAAATCACAACATG ³ GCCTATCTTTTATCTTTCTTTTGA	SEQ ID NO: 192
AtmiPEP394a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTCCTCTCCAAATTTTATGAGAGGGTTTCCTTCACAGAACACAGTA AAATAG	SEQ ID NO: 193
AtmiPEP395c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGACAGAGCAAGAGAAAGTCAAATGTCCACATGA	SEQ ID NO: 194
AtmiPEP395e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTATCTACAAATATATTGATAAATGTAATATCTATATATTCAAAC AATCGTCGTGGTCCGATGTTTCTAGAGTTCCCTCTGAGCACTT CATGGAGATACAATTTTATATAAATAG	SEQ ID NO: 195
AtmiPEP397b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGCAAGGAGATATTTTCCCTGGGTTTGAATGA	SEQ ID NO: 196
AtmiPEP398c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAGAACACACAGAGCAATCAACGGCTATAACGACGCTACGTCA TTGTTACAGCTCTCGTTTCATGTGTTCTCAGGTCACCCCTGCTGAG CTCTTCTCTACCGTCCATGTTTATCAACGCCGTGGCCCGTG	SEQ ID NO: 197
AtmiPEP399b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAAGAGAAACATGTAA	SEQ ID NO: 198
AtmiPEP399d1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCAATGTGAATATGA	SEQ ID NO: 199
AtmiPEP403	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTTTGTGCTTGA	SEQ ID NO: 200
AtmiPEP447a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGGTCATGGCTCATCATTAG	SEQ ID NO: 201
AtmiPEP447a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGATGAAACCTCGATGGAACCTGCTCTCTTTATGGAATCACGGAA TGGACAAATAATCAAAATCAGAAATCGAAGCGAAAGGGAGGA GAAAACGCAGATTGGAGGATTGGGACAGATTAGATACTGTT GAATGCATCACTCTAATGCTATCAGCCTATTAA	SEQ ID NO: 202
AtmiPEP447b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCTGCTTATCATCGTGGAGTTGGTTCTGTAA	SEQ ID NO: 203
AtmiPEP447b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGCTTTGTTCAATTCAGGTGCGTTAGAGGTTGCAGAGTAG	SEQ ID NO: 204
AtmiPEP447	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTACACCTACCAAGCTTGATAAAGTCTTTTTCGTGGTTTCTGTGTA CTCGTTCTGTGTTGTACAGATACTCTGTGTTCAATTCAGATGCTTT AGAAAGTTTTCGGAG	SEQ ID NO: 205

(continuación)			Secuencia de la miORF	SEQ ID
miPEP	Organismo			
dmmiPEP1a	<i>Drosophila melanogaster</i>		ATGTGGCGCGAAAGTATGCGCACAAACAAAAGTCAACAAAAGGCG CAATTTTATTACGGGCAACCAACGACGAAACAAAACAAAAGCCA ACCGAAAAGCAGAAAACAAAGCAGCAAAAAGTTTATGAATTTTT GTGCAAGCGCGTGAAGATGCAAAACGAGAAAACAAACATGAAA AAAAACATTAACAAAACAAAACAAAATCCAAAACAGATACCG AGCTGTATCCGAAAACGAGTGGGGAAGGGTTTCCAGTCACA TATAA	SEQ ID NO: 206
DmmiPEP1b	<i>Drosophila melanogaster</i>		ATGGGCACAAAAAAGTCAACAAACAAAAGGCGCAATTTTATACGG GCAACCAACGACGAAACAAAACAAAAGCCAACCGAAAAGCAGA AACAAAGCAGCAAAAAGTTTATGA	SEQ ID NO: 207
DmmiPEP8	<i>Drosophila melanogaster</i>		ATGGAGCCTGGCTTTGTTTGTGTTTATTTCCAAACCCACTTGAGCA CACAGCACACACAGAGAGAAAATCAATACTCGTTATGGGATTA AATTTACAAAGCGCAAGCAAAAGCGACAAACAAAATTCAAAAGA AAGAAAAAAAACACTCAAAATAAAGTCAACAAAAGAAATTCCTTATC GCCAAGGGGGCCAATGTTCTAAGGTTCTTTCGCCCTGA	SEQ ID NO: 208
HsmiPEP155	<i>Homo sapiens</i>		TGGAGATGGCTCTAATGGTGGCACAACCAAGGAAGGGGAA ATCTGTGGTTTAA	SEQ ID NO: 356
AtmiPEP157c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGATGTTGTCATATCACACATAGGTTTGAGAGTGTGTTGTTGT TGA	SEQ ID NO: 387
AtmiPEP157d	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGCTGTATGTATAG	SEQ ID NO: 388
AtmiPEP160c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGTTTCATGCGTAGAGGTTTGGTATACAACAATATATACATATAA	SEQ ID NO: 389
AtmiPEP164b	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGATGAAGGTGTGTGTGATGAGCAAGATGGAGAAGCAGGCGACGT GCATTACTAG	SEQ ID NO: 390
AtmiPEP166c	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGAAGAAGAGAGAATCACTCGAAATTAATTTGGAAGAACAAATTA GAAAAACCTAGATGATTCGAGACCAAGGCTTCATTCCTCCCTAA	SEQ ID NO: 391
AtmiPEP166d	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGAAGAAGATCGGTAGATTGATTCTTTAA	SEQ ID NO: 392
AtmiPEP169a	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGACTTGCCGATTTAAATGA	SEQ ID NO: 393
AtmiPEP169h1	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGGTGACATGA	SEQ ID NO: 394
AtmiPEP169h2	<i>Arabidopsis thaliana</i>		ATGAAGAATGAGAACTTGTGTGTAGCCCAAGGATGA	SEQ ID NO: 395

(continuación)			Secuencia de la miORF	SEQ ID
miPEP	Organismo			
AtmiPEP169n	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGAAGTGTATGATGAAGAAAGAGAGGTCATAACATGGCGGAAAGC GTCATGTTTAGTAGCCAAAGGATGACTTGCCTGATCTTTTCGCCCTC CACGATTCAAATTTCAAATTCATGCATTTTGGATTATTATACCTTTT AA		
AtmiPEP170	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTTCCGAGAGAGTCCCTCTGA		
AtmiPEP396a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGACCCCTCTCTGTATTTCTCCACAGCTTTCTTGAACTGCAAAACT TCTTCAGATTTTTTTTTTCTTTTGATATCTCTTACGCATAA		
AtmiPEP399c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATGTCACCTTGCCAAAGGAGAGTTGCCCTGTCACTGCTTCCGCTTA AACACAGTCTATAACCGGTCTGCTAA		
MtmiPEP169d	<i>Medicago truncatula</i>	ATGGTCAAAGAGTCTTTTCATGGAGAGGTTGAAAAGTGAGATGA		

Tabla 3. Lista de transcripciones primarias (pri-miR)

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID SEQ ID NO: 209
AtmiPEP156a1 AtmiPEP156a2 AtmiPEP156a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATTCATTGTTCACTCTCAAAATCTCAAGTTCAATTGCCAATTTTATAGGTCCTCTCTAT AAATTCAAAATGTTCTGTTCAATTCATATGCGTCGCCAGACATCTGTCCCTTIG CATGTAAGAGAGATAAAGAAAGCGACAAGAGCCATAAAGAAAGGTAAGAC TCTTTGAAATAGAGAGAGATAAGGTTTCTCTTTATCTTATCTTCTCTCATCAGATCT TTGTTTCTTTACCCCTCTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTATGGTTATGTTTTTCT CGATTTAGACAAAACCCCTAGATTGATCTTCTTCTAAAGGTCCTCAAAATGGAAAT CTCTCTCTCTCATATCTCTCCCTCTCTCCCTCCCTCTCTTTGATCTTTTGTCT TCTCCAGTTAAACTCAGATCTAACACAAAGCTTAAAGATCTCATCGTTTC TTGTTTCTTTTGTTCATCTGTAGATCTCTGAAGTTGGACTAATTGTGAATGA AAGAGTTGGGACAAGAAACGCAAGAACTGACAGAAAGAGAGAGTGAGCA CACAAAGGCAATTTGCATATCATTTGCATCTGCTTCTCTTGGTGCTCACTGCT CTTCTGTCAAGATCCGGTCTGATCTCTT	
AtmiPEP156c1 AtmiPEP156c2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTCTGCCCTTATAGTCTCTCTTTTGTGTAATATATTTATTTTTCGTACGATTTG GTCAAAACCCCTAGATTGTTTCCAAAGCATATCTGAAATGAAGGACAAC TTTCCCTCTCTCTCGGTATAAATATCTCTCCGGTTTGTCTTTAAACCT AAAAGCCTCAGATCTAACTCCAACACCTTCAAAAGTCTGCTCTTCCAAATCT TCTTCTCTGTTCGATCTCTAATCTCAGAAATTTGTGCGTAAGGTAAAGGT GATAATGAGTGATGACTGATGAGGGAGTTTGGGACAAATTTAAAGAGAAA CGCATAGAAACTGACAGAAAGAGAGTGAGCACACAAAGGCATTTGCAATGT CGATGCAATTTGCTCTCTTGGTGCTCACTGCTCTATCTGTCAAGATCCGGCT	SEQ ID NO: 210
AtmiPEP156e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TCCCACATCCAAAAGATAGAAAGATGTAAGGCTAGAGTCTTGTCTTAAATCC CCTAACAGAAACAATGATATATATAAATAATATGGGTGATATCGGCTGTGG AGGACGACTAGCTACGGTTTTCGAGCCTGGTCACATGCGTAGAGTGTGAAGG TAATTAGGAGGTGACAGAAAGAGAGTGAGCACACATGTTGTTCTTGCATGC TTTTTGTATTAGGGTTTCATGCTTGAAGCTATGTGTGCTTACCTCTCTCTGTC ACCCCT	SEQ ID NO: 211
AtmiPEP156f1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TCCCACAGCCAAATGAGCCAAGATAAAGAAACACCTATCTCTATAATAATTA GAGCAATATACCTCCATAATGGAACATCTATATATAAAGGTATCCGTATA TCTCTATATATTATATTCATTGAGTTTAAAGTGGTAGGGTTTATAGATGTAT GTGATATTAAGAGATATGAACATATTTGTGACGGTTTGTAGTGTGAGGAA TTGATGTTGACAGAAAGAGAGTGAGCACACATGGTGGCTTCTTGCATATTG AAGTTCCATGCTTGAAGCTATGTGTGCTCACTCTCTATCCGTCACCCCTTC TCTCCCTCTCCCTC	SEQ ID NO: 212

[illegible]

miPEP	Organismo	(continuación)	Secuencia del pri-miR	SEQ ID
CrmiPEP159a	<i>Capsella rubella</i>		TTCCAACGAATGACGTGTACTCTCTCTGCTCTATCTCTCTCTAAATATGTTT AGGGTTAATTAGGGTTCTTCATCTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCAGAGTCTT TATAGCTTCTTCCAAGATTTTAAATGAAAGTAATTTACCTCTTTTGGAGTCTT GTACATATAGAAATATCAGGAGTCGTGTTCCTTTTTATCAAGGTTCTCATCTA ACCTTATAGTATTTTCATTAGTTGATAAAGGCTTCATAGTTTGCCTAGATC AGATCTGTCTCTCTTTTCGATAGATCTTGTTCTGTCCAATATACAGTGATT TTATTTGAGAGCAAAAAGATGAGAGGTAGAGTCTCTTGAAGTTCAAAACG AGAGTTTAGCAGGGTAGAGAAAAGCTGCTAAGCTATGGATCCCATAAAGCCCT AATCCTTGTTAATGATAAAGGATTTGGTTATATGGCTTGCATATCTCAGGAGC TTTAACTTGCCCTTAATGCTTTTACTCTCTCTTGGAATGAAGGGAGCTCTAC	SEQ ID NO: 215
			ATCTCTTTTGACTCTCTCTATTAAGTCTTTCTTTATTTTCTTCTCTACAATA GTTGTTTGGATCGGAAGATCTTTAAGTTTCCCTTA	
AtmiPEP159b1 AtmiPEP159b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>		TTTCACTTTTGTCTCTCTCTCTCTTTTCTTTTCTTTTTCAGGATTCCTCTTCTAT GTTTATCTTTCATAATAGATCTGATAATTTTGATTTTTCACATATATATAT GGTTAATACTAGTACTTTTTCATTCAAGTTTATCTTCCATGGTCTTCTC TGAGTCAAATGTCTCCGTTCGAACCATATATAAGTTTTCATATGGTTTGT ATTAACCTCAAGTATTCACATATAGTCTCTCTTTTCTTGTGGATCTCTAAT GCTGTTCATATTTTAAAGCATAGGTTTAGTTAGTATGATGATGACTGCCAAT AAAAGAAGGTCAAGAGTTTTTGTATGTAATGAATATATGAGTTAGTCAAAGC AGATCCACACGATATATAGAAAACAAGGAAGAAAGGAAGGAAAGAGCTC CTTGAAGTTCAATGGAGGGTTTAGCAGGGTGAAGTAAAGCTGCTAAGCTATG GATCCCATAAAGCCTTATCAAAATTCATATAATTGATGATAAGGTTTTTTAT GGATGCCATATCTCAGGAGCTTTCACCTACCCCTTAATGGCTTCACCTCTCT TTGGATTGAAGGGAGCTCTTCACTCTC	SEQ ID NO: 216

(continuación)		
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR
AtmiPEP160a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CATCCACCCCTTAATGTTTTATATAAACCATTTCTCTCTCTCTCTCCATCACC TTCAATCTCTCTCGATCTCTCTGGATGCCCAATCTCACCTCCATGTTTGT TGTGATTCCTCTCTCTTTTGTCTTTTCCACCAATCGTCAITTTAAGGCTTC AAGAACAGTAACCCCAATTCCTCCACAAGAGGAGAGAAAACAAAGATCT TCCAATTCATTCCTCGATGCAATCACAATCCATGCCATAGATTGTTTCT ATTCTCTCTTATTATTGCTGTATCTGTTCATGTCATGGACCGGAGAGAGA GCATTACTTAAAAATAGAAATTAGCTATCTGTTTAAAGGGAATTAGTTTCCCTTA CATAACCATGTATATGTCATGACGCATATACATATGTAGATGTATATGTATTA TATATGTATGCCCTGCCCTGTATGCCATATGCTGAGCCCATCGAGTATCGA TGACCTCCGTGGATGGCGTATGAGGAGCCATGCATAT
AtmiPEP160b1 AtmiPEP160b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ACTCATAACTCTCCCAAAATTTCTTGACCAAAAATATATCCGCCACTTTCTCTCTG GTTTCATGTTTTCCTCAATGAAATACATACACATTTTGATTTTATTTAAATC AAGATCGACGTATAAGCTATCCACCAATCATAATTAAAGGGTTCCCGTATACA TATATACATATATATATATGGAATAATAGTCGTCCCTGGCTCCCTGTATGCC ACAAGAAAACATCGATTAGTTTTCAAAAATCGATCACTAGTGGCGGTACAGAGT AGTCAAGCATGAC
AtmiPEP161	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTCTAACTCATCCTCTCTCTCTATGAAAAATTCCTATGTTTCTGCCGAAGCTTIG ATCAGTACTCTCTCTTGTCTGTATCTCGGTTTTTGACCAGTTTATGCGTCGAT CAATGCATTGAAAAGTGACTACATCGGGGTCCGATTTTTTTGTCTTCATAT
		GATGAAGCGGAAACAGTAATCAACCCTGGTTTAGTCACCTTTCACCTGCATTAA TCAATGCATTGTGTAATAAGAGGGGAAAAGCA
AtmiPEP162a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTAGAAAGAAAAAACCCAGATCTATAAGTTTGTATTAAAAAGATAGAGAGAG AGGAGGATGTAGTAGGCCAATAGGCAATCAGAGAAATCAGAGAAATCACAATGGTATC TGGTCAAGAAGATTCCTGGTAAACTTTCATCTCTGTCTCTCTCTCTCTCTCTC TTGTGTGGATTCAATTTGACATATCTCTATCATCACACTGATCTCTCTCT CCCAGTTGTCTGCAGATGCATGTGTGTAATCTAGGGTATATGTTTGTCCA TTTGGTTTCATAAGGCAATAAAGATCCAGCTATTACTACTTGTGGTATAGAT TTTGACTGTGTGAATTTTCAGATCTGATGTGTCTCTGTGTGATCCGATTCGGAAA ATTTATGTTTCTGTGACATTTTGGAGTTTAGTTGGAGAAAGAGTGAAGTCTG CTGGAGGCAGCGGTTCATCGATCTCTCTCTCTGTAACACATTAAAAATGTAAA AGCATGAATAGATCGATAAACCTCTGCAATCCAGCGTTTGCCCTCTGTATCTTT CTTATTGACTT

(continuación)

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID
AtmiPEP162b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTGCATCTATCCACCTCTCTCTGTAATTTATCTAAATGTTCTTTTAAATCTTT TTGAGATTAAATAGATTGTTGTTGTTTCATCAACCGATTTCCTCAGATCTGT CAATTATTTTGTATTTATTTATGATTTATGAATGAGGAAAGAGTGAAGTC GCTGGAGGCAGCGGTTTCATCGATCAATTCCTGTGAATATTTATTTTGTAC AAAGCAAGAATCGATCGATAAACCTCTGCATCCAGCGTGTCTGCTC	SEQ ID NO: 221
AtmiPEP163-1 AtmiPEP163-2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TATCACAGTTCATCAAAATATTTGAAAGTATCAAAACAAAAAGGAGAGTG AGAAAAATAAGAGAGAGATAGAGAGAGATCATGTCCACTACTCAAGAGCA TAGTCTTGATGTTGGAGAGACAAGTACCTTAGATAAACCGAACCAACCCG GTGGATAAAATCGAGTTCCAACTCTTCAACGACAAAGATTCAACACTCTC TTCCAGGAACAACCTCCAGGAGATGATGATACTAAAGTGTGGAGTCCCG GTTCCTGAGAGTGAGTCCATATCAAAATGCGCATTCGTTATCACTTGGTTGA ACCCATTGGGGATTAAATTTGGAGGTGAAATGGAACGCGTAATTGATGAC TCCTACGTGGAACTCTCTTAGGAAAGACGACGGTCGAAGAAAGTAACCTGCGC AGTGCTTAAATCGTAGATGCTAAAGTCTGTGAAGAGGACTTGGAACTTCGAT ATTATCCCCCGTGT	SEQ ID NO: 222
AlmiPEP164a1 AlmiPEP164a2 AlmiPEP164a3	<i>Arabidopsis lyrata</i>	AGTAGGGTTGGAAAAATTTTTTACATTTTACTCTAAATAGAATAGAGTTGG AGATGCCCTTAGCAGTTATTAGACAAGGATTTGTTGGCCCTAGCGATCCTC TCTTCACTCTCACTTTTGTAGTCAACCTCTTTTGGCGTGAGATGCCATCA TGGCATGACATGGTCTTTTGGCTTACGTAAACACACTCACGCCAACACAC GCCACATAACATAAATAATATATATACATATACGTATGTGCGTGTGAGTC TTCCATTAAATGCAATCTTTGGGCTATATATATACAAACCTTCCATAACCA AAGTTATCATACTACAAAGCTCTCTCTGACTTGGAAATGCGGGTGAGAAATC TCCATGTTGGAGAGCAGGGCACGTGCAACCAACAAACACGAAATCCGTC TCATGTGTTTGCACGTACTCCCCCTCTCCAAACATGAGCTCCTGACCCATTG	SEQ ID NO: 223
AtmiPEP164a1 AtmiPEP164a2 AtmiPEP164a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AGACAAAGCCCCCACACTAAAAAAACAGTAATATGGAATAAAAAAAGCTTT CAAACTTAGCAGTTATTAGACAAGGTATGTTTGGCCCTAGCTAGCGATCG TTAGCTCTCTCACTCTCACTTTTATGTTCAACCTCTCTTTGCGTGAGA TGCCATCATGGCATGTTGTTCTTTTGGCTTACGTAAACACACTCACGCC AGCACACACACACACATACATATACGGAATGTGCGTGTGAGCTAGTCT TCCATTAAATGCAATCTTTGGGCTATATATACAAACCTTCCATAACCAAGT TCTCATACTACAAACGCCCTCATGTGCTTGGAAATGCGGGTGAGAACTCC ATGTTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAACCAACCAACACGAAATCCGTCCTCA TTTGCTTATTGACAGTACTTAACTTCTCCAAACATGAGCTCTCACCC	SEQ ID NO: 224

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID NO: 225
BmriPEP164a1 BmriPEP164a2 BmriPEP164a3	<i>Brassica rapa</i>	AGACAAACCCACGTTTAAATAAGAAATGATGATAATTTGTGGAAATAAA AGCTAGTATACTTTTGCAATAATAGACAAAGGTATGATGCTTGGGCCAAG CTAGTTTCTTTAGCACCTCTCACTCAGTAGTTTCTCTCAGCCCTCTTTT GCGTGAAATGCCATCATGGCATGGCATTTGTCATTTTGCCTTTCGTAACAC ACTCAGCCCAACATACATTATTCATATTCATGTGTATGATATGAATGTCCA TTAATGCAATCTTTGGGCCATATATACGAAGCTTACATCACCACAAAGCTC ATATTACAAAAGCTCACATATATCTTGGAAATGTAGGTGAGAACCTCCATG TTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAAAACCAAAAACATGAATCTGTTTCATAT GCTTTCACGTGCTCCCCCTCTCCAAACATGA	
CpmiPEP164a1 CpmiPEP164a2	<i>Carica papaya</i>	AGACAAACACTCCTCTTTTGTTCCTTCTCCACGTATCCACTTTTGAAATTTGTA ATTTGTGTGCACCACCATGATTGCATGCCATGCCACTTGGCTTTTCCCTTTT CCTTTCTTAACAATTTACTCAATCTTCTCTCCCCCTCCCCCTCCCCCTC TCIGCCATTATAACCATAAATAAACCTCTCCCCCTCTCTCTCTCTCTCTC TCCTCTCTGGTCTCAGTATAAATGCAGCTCTGCTTATACTCCACACCTTA TATATATACCTGACCTTCTTCACTTCTTCCATCCACCTCTCTCTCTCTCC CAAACTTTTCTTAACCTGTTCTCTGCATACATATATATCCACATACATATAT ATATATAGAGAGAGGTGAGACAGAGAGGTACCGAGGCAATTTGGGTGAGT AGTCCCTGTTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAAAATTTCTCCATGGCTTCCCT CTTTGCACGTGCTCCCCCTCTCCAAACATGGGTTC	SEQ ID NO: 226
CrmPEP164a1 CrmPEP164a2 CrmPEP164a3	<i>Capsella rubella</i>	CGGCCACCCACACATTTAACAAAGAAAACCTGATGGAATTAAGGTTTG AGAACTTGGCAGTTATTAGACAAGGTATAGTTTGGCCCTAGCTTCTTTAAAT TAGCTCTCTCCACTCTCACACTTTTCAACCTTCCACCTTCTCTGCGTGAGTGG CGAGATGCCATCATGGCATGGCATGGCATGTTTCTATTTGCCCTTACGTAAAAAC ACACTCACGCCAACACATACCTACATACATGATAAATAAGTATGTGCGCGTG TGAGTCTTCCATCCATCAATGCAATCTTTGGGGCTATATATACAAACCTTT TCCATAACCAAAAGCTCTCATATAAATACTACAAAAGGCTCAGTTGGGAAATGCG GGTGAGAAATCTCCACGTGTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAAAACCAACAAACAC GAAACCCCTCTCATGTGCTTTTGCACAGTACTCCCCCTCTCTCCAAATG	SEQ ID NO: 227

(continuación)

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID SEQ ID NO: 228
GmPEP164a1 GmPEP164a2 GmPEP164a3	<i>Gossypium raimondii</i>	GAAACCCCAAGTTCAGGCTAACAGTTATCTGATGATGAGATCAAGAAATTTT AAAGTTTCAATATAGATTGGCATGGGTATTGGCGGCAGAAAGCAATTAATA AACAGTTATGTCAAAATTCAGGTCGTATCAGTTAAAATGAATGAAGATTIA GAAATTTCAACAAGGAAGAGAGACCCACAGCTTTGTTAAATTAAGTGTGTGG TTTTATAATTATCATCTCGAAAAGTTTCATAATAATCAATTAGATTAAACAATC TCTGAATTTTCATAATTACAAACCAGATAGATAGATACATGAAAACTTAGACC CCAGAGATCTGTCCTTAAAGAAATGCCCACTTCTAGACTCAATCTCTATTACTC TCTTTTCT TTCTTTGCTTCTGCACTCAACTCATGAACTTGAGAAAGCTTTACTTGGATGG GTGGTTGGGGTGAGTATCTCTGTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAAGTTC CTATGTTAAGTGAACCTTGCACGTGCTCCCTTCTCCACCGTGAG	
MtmiPEP164a1 MtmiPEP164a2	<i>Medicago truncatula</i>	GAAAGAAAAAACCTAGTGTAAAATTTGATATACCTCTTTATGTATAGTACGA ATGTTTTTTTAAAAAATTAATGTAATAAATGATAAATAATAAATAAATAAAT AACAGTAAAAATTAGAAAAGTAAATACTATGCCCAAAATTTGATATTTT ATATAATTGTATAGATTATTAATTGATATGTAAGTCCAAATTAATAAATTT GTTTAACTAAGATTGAACTAGGTTTCTTAAAGACTCATCTTTTACTTCA AATTAATTTATCATTTGAATTCATCACTTCTTAATATTATTAATTTTCC ACCATCTCATTTGCTTCTGCCACGTTACTTATGTTAGATCTCTTATGTCATAT ATCTCTCTCTCTCTAAAGTTGCTACCTATAAATACTAAGCCCTTCCCTTGGTTG GTTCATTTCAACTTCTACTTCTCATCAACAACAAGTGAATAAGCTTCATTT CCTGGGTGAGAAGCTCTTGTGGAGAAAGCAGGGCACGTGCAATCCCTCTT CTGATTCATTTCTCATATAATGCATATCAATAATCTTTTGCACGTGCTCCCTCTCT CCAACTAGG	SEQ ID NO: 229
OsmiPEP164a1 OsmiPEP164a2	<i>Oryza sativa</i>	ATGCAAAACCCACTCCAAACACTCCACAATCCACATACTCTCTCTCTCTCTCT CTCTGAGTAGGAGTACATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT ATGCTACTGTAGCCATCTTGTGGCTATATAAACCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG CTTAGCTAGAGAGCCATATTGCATGCACACTCGCTAATCTCTTTTCTCTACTC TACTTGCAATTACACCACCTCTGCAATTCAGTTCATTCATTCACCTGAT GCATGGATCGAATGTGCTACCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT ATCTCACCTAGCTTCT TTTGTCTGTCTGTATCGAATCTACAGGTGAGTAGGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT GGGTACGTGCAAAAATGACACACCGGTTGGTGTGAGCTAATTAACAAGCTCTGAC GACCATGGTGTATCGAAATGCACGTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	SEQ ID NO: 230

(continuación)		
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR
AlmiPEP165a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	CTAGGGTTTAGGAATGACGACCTGTTTCTGTGTGTCTTATTAAAGCCCATC TTCGTCTCCGCCATCATTCCTTCATCATAAACCATCATCACCATTCAC CAACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCGATCTCAACAATAATGTGAATCT GCTAAGATCGATTATCATGAGAAATTAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGTG TCTGGATCGAGGATATATACATATATACATGTGTATGTGATACATGTGATC ATAGAGAGTATCCTCGGACCGCTTCATCCCCCAACATGTATTGCTCT GATCACCATATATATGTGTTACATTTTCATGGTTAAATCTGACACAAATCAC AAAAGCTTGGTTTAACTTTCTATGACCTTTTAAAGACTTTGAACTTTCA TGCAATGACTTCTTAAAGAGTAGATTACACATTTGCGGATCCGTTTATGCTTTT TGCTTTGTTTCGTTATATAT
AtmiPEP165a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTAGGGTTTAGGAATGACGACCTGTTTCTGTGTGTCTTATTAAAGCCCATC TTCGTCTCCGCCATCATTCCTTCATCATAAACCATCATCACCATTCAC CAACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCGATCTCAACAATAATGTGAATC TGCTAAGATCGATTATCATGAGGTTAAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATGT GTCGGATCGAGGATATATAGATATATACATGTGTATGTAAATGATTCAAAG TGATCATAGAGAGTATCCTCGGACCGCTTCATCCCCCAACATGTATT GCCTCTGATCACCATTATGTGTAGACTTTTCTTTTGTGTTAAATCTGCGCAAT TACAAAAGCTTGGTTTGTGTAGACTTTGAACTTTCTTCTGATGGCTTCTTA AGAGTAGATTACGGATCCGCTATGCTTTTGTGCTTTTGTGCTTATTGT ATTAAAC
BcmiPEP165a	<i>Brassica carinata</i>	GAGATCAATGAAATTAATCCTGCCAAATAAAACGTGTGACGTTTATTCAAAAA TATATGCATTAGATGCTTTGATATTAAATAATTTCCTTTTAAAGCTAGCTAG GGTTTAGGAATGACGAGTTGTGTCTTATTAAAGCCCTTCTCTCTCCGCCA CTCATCTCTCTCTCTCTCTCTCTAGAAACAAAGTGAAGTATTCAGTTGAGGGGAATG TTCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTAGAAACAAAGTGAAGTATTCAGTTGAGGGGAATG AAATATTGTGACTATTATCATGAGAAATGAAGCTATTTCAGTTGAGGGGAATG TTGCTGGATCGAGGATATATATACACAAATACGTATATATGTAAATAC AAGTGTGTGATCATATGTATATAGATTATCTCGGACCGCTTCATCCCC CCTAACATGTTATTGCTCTGATCACCAGATTCTATCAACTCTGCTTATTA TTTGTACAAAACAAGTAAATAAGCTCATATAATTTCTTTGAGTCTTTCAGCATC GTTTCATTATGTTTTCGAAATCCG

[illegible]

[illegible]

[illegible]

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID NO: 244
AtmiPEP171a1	Arabidopsis thaliana	GAATTTTGATTTATGAACCTCTCAAGAAGGAAGACAGAGGAGGACAA AGAAGTATAGGTTACATTCATAGCCAGTTTAGTTTGAAGGATGGATATA TGAAAAAATATGAAGAGAGAGAAGAGAGAAGAGAGGAGATTAAAGAG GGTGAGGCCAGCTTTTGTGCTTGGTAGTAGAGGTTTAAATGCTCCATA CCTCCATTTCTCTCTTACCTTAATTAATTCCTCTCTCTTATAAATC CCCACAGACATTCACCTCTCTCTCACACTTCACATCAACACTTCTTCTT GTTTTTCATTTTACAATGTTTCTTTGATATCCGCACTTTAAGCATGAGAGA GTCCCTTGATATTGGCCTGGTCACTCAGATCTTACCTGACCAACACACGTAG ATATACATTAATCTCTAGATTAATCTGATTGAGCCGCGCAATATCTCAGTA CTCTCTCTCTATTTTGGACTTTTGGGCTTGTAGATCGGATTTGTATGTGTG TGTTGAAATGGAGACAAGTACTGTAACTTCTTTGTGTATATTTGTTACCT ATAGGCTGATGTCATAAACTCTTTGATCTTGTCTAACTTCCAGATCTTG AAAAATCAAGTCGTGTGTCTCCATGGAAGCCTTTTCCATTTCTCTCTT CCA	
AtmiPEP171b	Arabidopsis thaliana	ACTCATAAACTTTGCTACTGGCCGCAATTTCTATTTTCTCTTCGATTTCTAA TTCGTACTTTGGTTCTGACGTCCCTAAATAATTTTAGACAGTAAGAGTTTCTC CAGGATCCGATGGTTCTCTCCGGTAATTAACATTTTAGTGTCAATAGTCAAT TATACATAATTTTATTTCACTTTTGTGTTTATTTGTTTCTGGAGCTAAG TGGAGATTATAGTCGAACAAGAGTGGTTTATGCAAGGTAAACGCGAGATATT AGTCCGGTTCATCAAAATAGTCGTCTCTTAACCTCATGGAGAACGGTGTGT TCGATTGAGCCGTGCCAATATCAGCGGTAAACCAAAATGGCAAAAGATAG TTATTATAACCTTAAAGGTATGTATCATATATCGTTTATTGTTTCAATTTGAT TAATGGCTTGTGATATTCATTTTCTTTT	SEQ ID NO: 245
MtmiPEP171b1 MtrmiPEP171b2	Medicago truncatula	ATTGGTCAAAACATACATACAGTAGCTGGTTTTCATTATTCCTACTATGC TTCTCATAGGCTCTCCAAATTTTGCAAAATTTGAAAGAGACATAGTATATAT ATCTTAGCAAGGAGAAATTCAGGATATTTGAGGATGAAGATTTGAAGAGTAAT CAGTATGAAGAAAGCAAGCAAGTATTTGGCGCTCAATTTGAAATACAT GGCTATAAAATTCATCATATCAGCCATGTAGTTTGTATGAGCCGCTTCAAT ATCTTGTCTCCATCTCAAAATTTACCAATCTCACTCAAAATCAAAATTAACACCCAC AATCAAGGCTTTCATTTAATGCAATCAAAATAGTTGACCTTATCATCTCGAAG AAATGTTTTCATCTCTATCGAAGTTTGGACTTGGCGAAATTTGCTCGAAAGC ATGTGTTTATGTTTCGACAGCGGAAAGTTTACCGAAGGACAAATTTGGTTGTG GTTCGATAAAGATCAAGCAACGATATTTTCAAGACACGTTTCGAAATTCAAA TCAATGTGATAGTATCGTTTACTGCAATGATATAGTTTAAATTCAAATC TAGGCAGTTTGTCTATTTGTATAAATAGTATTTTCTCTAGGGAAGGGG TCCCAATTCATACAAAAAACTTACAAATCAAAATATCTCCGATGGAAGAG AGAAACGAGTCACAAAGTTGCAATGTATGAACAATGTGTACCAATTTACATTCA ATCAGTACAAATTTAAGTTTCATTCTCCATAAAAAAAA	SEQ ID NO: 246

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	
ZmmiPEP171b	<i>Zea mays</i>	ACCAGGGTATCCATCCACACAGCAATGCATCTGCCCTCAACTCCCCTCT CGCCCCCACCACCAACACACATCTCTCTTTCTAGGGAAGGAAATGACGA AGGGACGACGACGGCATGCTTCGGCTAGCTCCTGGTGTAGGACAAAGG CGGAGGTATTGGCGGCTCAATCCGAAGCGGTGGCTGATAGATTGGCGGG CAGCCATGTTCTTGGATTGAGCGCGGTCAATATCTCCCTTGGCTGTCCCGTA CCTAGCTAGCTTGGCTCACTGATCGATGCTGCTCCCTATTTCATGGAGAA GCTGATGATTGATTATCTCAAGCAAGAACTGTCTGATCTGTGCTGCTGAT CGATCAGGATCTATATGCTGGAGAGTTTCAAGAAACATGGACAGAACTCGCT TCAACAACCGATCAATCGATTGATAGGTATGTACCTACCTCATATGCCCTCA GCTCTCGTTATGGATTCTTCAACCGAAGGTGAGTAAAGCTCTTGGTTCCAT GCCACTGCGTGAACCTAAGCGTTCACAAAAATCCGTTCCMCGGCATGAACCAA GCACTCAAAAATCGCATGCAAGCATCTTTTCGTTTCAAAAAAATTTGACTTYTG AAAACAATAGATGAATCAGTTTCAACACATATATGATTATCCATTTTCTCAAC CGGGAATTTATATCTCGTTGGGATGCAAAACCGTTCAAGTAGTAAAACTACTC CACGAGTATAAACTGTCTCAGTTATTTACTATTAATTAGTTACCCGTATGCT GTTATGGTTTCTATATCTATAAGTAAACCTTACTTAAATAAGATAGTTATA CAAAAAATAAAAAA	SEQ ID NO: 247
AtmiPEP171c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CAAGAAAAACAATTGAATAGCTCATGTGTCTCTTCTCTCAJTTTTCATATCTG CTAAAAAAGAACCCGTGTTTCTAAACTGGTTTAAAGGTAAAGTACCTGCTC TAGTAACTTACCTATCAATTTGTTCCTCAATCAATTACTTGTCTTGTACTTATTGG TTTCCCTTTGTTTGTCTTTTAAATATGTGGATGGAGTTTGGTGTAAATAGC AACTGAAGAGTCGATGAGCGCACTATCGGACATCAAAATACGAGATATTGGT GCGGTTCAATCAGAAAAACCGTACTCTTTTGTGTTTAAAGATCGGTTATTGAT TGAGCCGTGCCAATATCACGCGTTAAATAGTTTAAAGATTCTATGTAGTTG ATGTGATCAATCAAGGTATGAATCTATATCAATCTCTTATGCATAGTTTAT ATTTACAGAGATGAGGTATTATCAATGCTATCGTCGAGGATCAGCTCTTA CTTATGTATATTCTATATAAATTTTATTAATTAGTTTCTAAAGAGAGAGGA CAATTTAAAAATTTTAAAGAGTTTTTTTTTAAAGTAGTTTGTGTTTCATGTTTA TCTTCTGCAGGCTCTGAAGTTAGGATAGTAAACAAGAAAAAAGACAGAAAAA AAGAAGAAAAATTCATATACATTCGTGA	SEQ ID NO: 248

(continuación)

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID SEQ ID NO: 249
MtmiPEP171e	<i>Medicago truncatula</i>	GAATAAGTGAATATTATCGATAATTTATATCATATATATCAACCTTTCTCTGTGC TTGCTTGCAAAATTGCAATTAAAGCTTTTTTGATCTTATGTAAAGAGAAATATAT TGATGATGGTGTGGGAGCCGAAAAAAGCGATGTGGTGAGGTTCATCC GAAGACGGATTACATGTATAGAGTTGTAAATACGATCTCAGATTGAGCCG CGCCAATATACATTT	
MtmiPEP171h	<i>Medicago truncatula</i>	CCACAAAACATAAACTAGCTAGAAAGCTTTAATCGCCTTATTTATATATAAAT AATAATAATATGGCTTCAGCTGCAAAAGTATACATGGCGTGATATGATCC GGCTCATCTATATCTCAAGTTCATCAATCCATATCATATCAATTTTCAGACG AGCCGAATCAATATCACTCTGTGTGCTTCATGTCATATTAATATATATCTTC ATTTATAAGTTATAGTTGCCATATATATATTAGATTGATCTGCAGAAAGTAG ACAGGAGTGGTGTGTTCTGCTCATCTTATTAAATAATGAATGAATG ACATTTGCTTACTTATAAGACGAGCCGAATCAATATCACTCCAGTACACCT	SEQ ID NO: 250
AtmiPEP172a1 AtmiPEP172a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTCTCTCTCTCTCTCTCTCTGTGTGTCTAGATCTCACCAAGGCTTTCTCT GGTTAAATATATGGCTTCCAAAGATCTGGTAAATATGTTATAAATACGTCATACTT AAGCTTTTTTCAAAATCAAAATAAGAAATTGTGGGTTTGTCGTCGTTTACTAT TTAGCAGTATATATTAAGAAAGTTCAGATGTTATTCGATCATCTGTTTTTGCT TCCCCTCTGCCATCTTTATCTTTTAGGGTTTCAATCTTTTTCACCTTTTCTTC TGTTTGGAGATGGTTAGGTTCCAACTAAGTATACGAGATTAAATTGACAT CTTAGTTACTTCAAAATTCCTTCAATCAAAACAAGTCACTCAGACTATTCGCG CATGTTTGTATATACATATTTATATATATATATATATAGAGGTACGAGTTCTA GTGCTATAAATTAAAGAGGTTAAGTACCATATAGATGATATTGTTAAAGTA GTAAGTCACTCAAAAGTTTGAGTTTGGGTTGAGTTTGAGTTTGAGTTGAGTT TGAGAGACAAAGATTACTACAAGAAGATTGTTAAACAAAAATGGGAAGACT AATTTCCGGAGCCACGGTCGTGTGGCTGCTGGCATCATCAAGATTAC ATCTGTTGATGGACGGTGGTGTGATTCACCTCCACAAAAGTTCTCTATGAAAAT GAGAACTTTGATGATGCTGCATCGGC	SEQ ID NO: 251

(continuación)		
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR
AtmiPEP172b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ACTTGCACCTCTCACCCTCCCTTCTCTAACTAGTCTGTGTGCACCCCACTTTATGT GTACGTACTATATCTCATAAATAAATATTTTAAATAGATGATTTATTTG ATATGAAAAAGTTACAAGATTAGTTTGTGTGTGAGACTTTGGATCGACA GATCGAAAAAATTAATAACCGGTCACTAGTATGAATATCAACTATATATGCTC CATGCATTGCTTATAGTTTCACACAATTTGTTTCTCACGGTCTAAAAATCA GAAGATTCCATATATTTCTTATGACGTAAAGGACCCTTATAAGTTGACA CGTCAGCCCTTGGATTCGTGAGGTTTCTCTCTACTCACCTATCTACTTTTC CTCATATCCCACTGCTTTCTCTCTCTGTTCTGTTTCTGTTTCTGTTTCTTTC TTCTTCTCCAAGAAATAGAGATCGAAAAAGATAGATCTATTTGTGTAGCA AGAAATATCATTTTCTGTTCTTCATTCATATATTTGTCTATTTATGTGTACAA TAATAGATACTCGATCTTTGTGCGTGGTAAATTTTATACAAGTTGTGCGCG GATCCATGGAAGAAAGCTCATCTGTCGTTGTTGTAGGCGCAGCACCATTAA GATTCACATGGAATTGATAAATACCTAAATAGGGTTTGTGATATGATAT GAGAATCTTGATGATGCTGCATCAAC
AtmiPEP172c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TCACCAATAGGCTCTCTTTATCGCTTCATATATATAAAGTCTACATCTAT CTCTTCTAGGTCACTAGCTAGACTCTAGATTAAAGGATTTGAAATAGGGTTTC ATGTTTCCAGCAAAATGTTGCGCTCTGAGTCTTGAAAAAGATCCAAAGACAAA ACCAATCACTACATACATCCCTATCATCAACCAGCTACTGTTGCTGTTGGA GCATCATCAAGATTCAAAATCATCAAGTATTCGTGTAAATAAACCCATTTA TGATTAGATTTTGTGATGATGATGAGAAATCTTGATGATGCTGCAGCTGCAAT CAGTGGCT
AtmiPEP172e1 AtmiPEP172e2 AtmiPEP172e3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TGTCATATTGAGAACTCTTTAGCCCTTTGGCTTCTGTCTGACACTTGTATAG TGAAAGTGGCTTGTGTATATAGATGGGATCTCTCTCTTATTTAAAAAGTCAA TTAGAGATCTTGATGCTACTTCTGTCCCTTTCCAAAGTATTTACGTGACCA ACTAGCTTTTTCATATGAGTGTATATATCATGTACCTATCTCTCTCAATTGC TTCTCACCAAAATCATCTTGTGATTCATTTGCTGTGTAATCCCTTGTCTTC CTCTTGTCTTTTCATTTGTGATTAAACCATGGGAGTTCCTCAACTTTAGACC TCGAAACCGATAAGGATCTTCTCTGCGGTGAAATAGCTAGGTTCTCGATG AATAGGCTAGCCTTGGTGGATGTTATCAGCCAGTAGTCGCAGATGCAGCAC CATTAAGATTCACAAGAGATGTGGTTCCCTTTGCTTTCGCTCTCGATCCGCA GAAAAGGGTTCTTATCGAGTGGGAATCTTGATGATGCTGCATCAGCAATA C

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR (continuación)	SEQ ID
AcmiPEP319a1 AcmiPEP319a2	<i>Arabidopsis cebenensis</i>	TTGTATCCATAGTGTATTTCTCTCGCATCTACCATCCATTTTCTACGCCCTCTCTC TCTCTTTCTCCATCAAAATCTTGTGTTTGTTCATAACTCTCTCTCTCATCAATTC TCTCCATACAATACATGCATACATACATACATACCATCTCTAATAATTTTCATCA ATCTCTTTTGTTCCAAAGGCTCTTTCTCTCCATTTACATACATACGAATCATTT GTTGTCATAGATCCGTTTAGAATTGCTTTAACTTTTAGATGAGATCTAGGGTT TCTTTCTTTTCTCAAAATCATGCTTTTTCGGTTGCTAGTTATAGATCCATG TAAGTTTAGAGTAGATGTACACACACACGCTCGGACACTTATTAAATACATG TTGATACACTTAATACTCGCTGTTTGAATTGATGTTGAGGAATATATAAAT GTAGAGAGAGCTTCTTGAGTCCATTACAGGTCGGATATGATCCAAATTAGC TTCCGACTCATTCATCCAAATACCGAGTCGCCAAAATTCAAATTAGACTCGTT AAATGAATGAATGATCGGTAGACAAATTGGATCATTGATTCCTTTTGATTG GACTGAAGGGAGCTCCCTCTCTCTCTGATTC	SEQ ID NO: 255
AhmiPEP319a	<i>Arabidopsis halleri</i>	TTGTATCCATAGTGTATTTCTCTCGCATCTACCATCCATTTTCTACGCCCTCACTC TCTCTTTCTCCATCAAAATCTTGTGTTTGTATCAAACTCTCTCTCTCTCTCAT CAATTGCTCTCCATACAATACATACATACCATCCATCTTTCCCATCTCTAATATT TCATCAATCTCTTTTGTTCAAAACGCTCTTCCCTCTCCATATACATATACATACA TACGAATCACATTTGGTGTATAGATCCGTTTAGAATTTGCTTTAACTTTTAGAT GAGATCTAGGGTTCTTTGTTTCTTCTCTCTTCTCAAAATTTTGTGTCATATTCT TCCAAGATCATGATTTTTCGGTTGCTAGGTTATAGATCCATGCAAAATATAGAG TAGATTTACACACACACGCTCGGACACTTATTACATACATGTTGATACAC TTAATACTCGCTGTTTAAATTGATGTTGTAGGAATATATATGTAGAGAGA GCTTCCCTTGAGTCCATTACAGGTCGTGATATGATCCAAATTAGCTTCCGACTC ATTATCCAAATACCGAGTCGCCAAAATTCGAACTAGACTCGTTAAATGAAT GAATGATCGGGTAGACAAATTGGATCATTTGATTCCTTTGATTGGACTGAAG GGAGCTCCCTCTCTCTGTAT	SEQ ID NO: 256

(continuación)		
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR
AlmiPEP319a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	TTGTATCCATAGTGTATTTCTCGCATCTACCATCCATTTTCTACGCCCTCTCTC TTTCTCCATCAAAATCTTGTGTCCAACTCTCTCTCATCAATTCATCCCA TACAATACATGCATACATACCATCATCATCTTTCCCATCTCTAATATT TCATCAGTCTCTTTTGTACAAACGCTCTTCTCGCCATATACATACATAAG AATCATTTGTGCATAGATCCGTTTAGAATTGCTTTAACTTTTAGATGAGATC TAGGGTTCTTTCTTCTCAATTTTGTGCTGCATATCTTCAAAATCATGAT TTTTCGCTTGTAGTTATAGATCCATGCAAAATATAGAGTAGATGTACACAC ATTACGCTCGGACACTTATTACATACATGTTGATACACTTAATACTCGCTGT TTTGAATGGATGTTAGGAATATATATGTAGAGAGAGCTTCTTGAATCCA TTACACAGGTCGTGATATGATCCCAATTAGCTTCCGACTCATTCATCCAAATACC GAGTCGCCAAATTCGAACTAGACTCGTTAAATGAATGAATGATGCGGTAGA CAAATTGGATCATGATCTCTTTTGATTGGACTGAAGGAGCTCCCTCT
AtmiPEP319a1 AtmiPEP319a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TTGTATCCGACGTGTATTTCTCGCATCTACCATCCCTTTTCTACGCCCTCTCTC CCCTCTCTCTTCTCCATCAAAATCTGTGTGTTCACAACTCTCTCTCTCTCAT CTATTCTCTCCATACAAATACATGAATATACATACATACCATCACTCTCTTTC CCATCTCTAGTTTTCATCAATCTCTGTGATGTTCCAAAGCTCTATCTCTTCAT ATACATACATACGAATATATTATTGTGTGATAGATCCATTTAGAATCACTTT AGCTTTTAGATGAGATCTAGGGTTCTTGTGTCTTCTCAAAATTTGTGTCATA TTCTTCTAAATCATGGTTTTCGCTTGTAGTTATAGATCCATGCAAAATATG GAGTAGATGTACAAACACACGCTCGGACGCATATTACACATGTTTCATACACT TAATACTCGCTGTTTGAATTTGATTTTAGGAATATATATGATAGAGAGAGCT TCCTTGAGTCCATTACACAGGTCGTGATATGATTCAATTAGCTTCCGACTCAT CATCCAAATACCGAGTCGCCAAATTCAAACTAGACTCGTTAAATGAATGAA TGATGCGGTAGACAAATTGGATCATTTGATTCCTCTTTGATTGGACTGAAGGGA GCTCCCTCT

(continuación)			
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID
BrmiPEP319a	Brassica rapa	TTGTATCCCAATTGTGTAATTCCTTGCAATCCATCAATAAAATTTATGTTACGCCCTC TCTATTATTTCTCTACATCACACTGTCTTATGTTTAAAGCTCTACTTCTCAGC AATCTCTCCACCCAATACATGCATACATACCATCATCGTATCGCTCTAAATTT TTCTATCAATCTTGTATCCTTCCACAAAATTAATCTTATGTCCTCCATTTTAAATC CTACATAGATCCACACATACGAATTAATCTTGTCTGAAAGATCCATCCATTAC GATTGCTTTAACTTTTACATGAGATCTAGGGCTTCTTTATTTTCTTCAAAATCT TGCTGCATATATTTCAAGATCATGCTTTTCGGCTTGCTAGGGTCTAGATCCA TGGATGTATAGCGTACATACATACACGCACATAATTCATACCTGTAGTTGTAC GGAGAACATCATAAATATCAGTGTGTTGGAATTAATCGTGTAGGAATATAG ATAGGTAGGGAGCTTCCCTTGTAGTCCATTACAGATCATGATATGATCCCAATT AGCTTCCGACTCATTCACAAAATACCGAGTACGAAATTTTCAACTTAGAC TCGTTAAATGAATGATGCGGTAAACAAAATTTGGATCATGATGATTCCTCTCT GATTGGACTGAAGGGAGCTCCCTC	SEQ ID NO: 259
CpmiPEP319a	Carica papaya	CTATATCCCTGTCAAAATAGTACTGGTTTGTGTTTAGCCACAAAATCTCTCTGGT CTTGCAAAAGTTCTCTGATCTCTCCCTTCTCTCAATTTTCTCTCTCTTATAT ATGGATCATCAATTTGCTGTACACACACACACATTTACTGTAGTGTAAATTA GCTAGCTAAATTTGTAGTATGTAATTAGATCCCAAGTACCTGTGTATAATTT TTTAGGGCTTATCCTATGCATACCTGTAGTACAAAGAACTTAGTTTGTAAATAG GTACTTGGTAGTAGGGTTAGATTAATCTGCTTGAAGAGAACTTATCCA ACAAAATAGAGCTATGAAGATTAATAATAGGTTTGTAGTCTTATTAAGATTATTA ATTACTAGACAAAACAGTTAAATTTTAAATTTGGGTAAATAGGTACTTAGC AATAGGGTTAGATTAATTAATCTGTTTGAAGAGAACTTACCTACAAATAGAG TTGAAAATGATTATGTTTGTAGTCTTACTAAGATTGTCTATTTCTGGAAAAAAA CAAATCTTGAACACAGATAATTCAGATAGTATGATCAATGGAAAAAACATCA TGGGTGTGCTTAATTAAGCTAATATATATATATATGAAGATATATGTTAT GCACACTAGCTATGAATTTGTAAAGATAATGAAGGATAAAGATGATATATTT AGATGTTATAAGTGTAAAGTAAGGTGGAATGGGTGTAGTGGGTAGTAGTAG TAGTAGAGATGATTTGGTGGAGAGAGCTTCTTCAGCCCACTCATGGATGGGT ATGAAGGGGTAGAAGTAGCTGCCGACTCATTCATTCAGCCACTCAGTATGTA AACTCGTCCCACTGTGACTGTATGAATGATGCGGAGATATTTTACATCCA TCTTCTCTGTGCTGGACTGAAGGGAGCTCTCTCT	SEQ ID NO: 260

(continuación)			SEQ ID NO: 261
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	
CrmPEP319a	<i>Capsella rubella</i>	TTGTATCCATAGTGTATTTCTCGCATCTACCATCTACTATTTTCTACGCCCTCT CTCTCTTATCCCTCTATCTCTTCTTCATCAAAATCTCTTTTGTTCAAAGTCTC TCTCATCATTTTCTCTATACACATACATGCATCCACATACATACATACATAT ACCATCATCTCTTTCTCATCTCTAGTTTGTGTTTAAATTTGTTCCAAGG ATCTGTATCTCTCCAATAAAGATACATACAAAATTAATGTTGTCATAGATCTAT TAGAAATGCTTTAACTTTATATGAGATCTAGGATTTCTTCCTTTCTTTCAAA ATTTGCTGCATATTTTTCAAAATCATGATTTATTCGCTTGTAGGTTCTAGATC CATGCAAAATTTAGAGTATTTTACACACACACACAGCTTGGACACAAAGTACAT ACATGTAGTTTCTTTTATGTGTGAAAGTACATAAACATGTAGTTTATAGTT ACTAGTCGCTATATAATTTAAATTTGATGTTATAGGAATATATGTACGGAGA GAGCTTCTTGAGTCCATTCACAGGTCTGTGATATGATCCAAATTAGCTTCCGAC TCATTTCATCCAAATACCGAGTCTCACCAAAATTTGGAACAAAGACTTGTAAAT GAATGAATGATGGGTAGACAAATTTGGATCATTTGATCTCTTTGATTGGACT GAAGGGAGCTCC TCGTTTCCCATCCCATTTTCATAGAATAATGCCACCAACAAACAAAGACATTA GCTCAAAAGACTAATTACCATCTGTTTTATGTATAGATACGTGCGAAACGGTG ATTGTTTTTCCCAATAAAGAAACCAAAATGAAGCATATTCAAAGGTGGAGA TATGGGGAGACTTCCGGAAGGCAAGGGGATTGGAAAAGGCTCGAGATCAAA GTGCATAGCAACCTTTCGCTAAAGGTGAAACAAATACGAATAACTTCAGTA GCTCATTAAATCCGAACATTAACAAATCAATCTCCCTCGCCCTCCTT GCCTCCTCTTTTACCTATATAAGCCACCGCCCTTCAATGAAATCCACGAG TGGAAGGTCACAGTATAGTGGTCTCTGCAAGGGAGAGCGAGAGCGGCTC CACTGTCTACCTATAAGCAGTTCCTTCTTTTGTGTTACATGTCTGTGCACCTC ACCGAGTTTTTCTATTCTCTTCTCTGGTGGTAGCAGATTCTCAGGGGA CTTCCCTCCTCCCTTGAGGATCCTTCTCTTGAAGCGATATGTCGAAATGGGT AAGAGAGAGAGAGGAAGGAGCTTTCTTCAGTCCACCCATGGGACGTGTG GGTTTTAATTAGCTGCCGACTCATTCATCCAAATACCGAGCGAGAGCAAGTA ACAGAGCTCCGTAATGAATGATGATGCGGGAGTCTTGTGATTCCCAAGC TTTCCGTGATTGGACTGAAGGGAGCTCCCTCTATCT	SEQ ID NO: 262
EgmPEP319a	<i>Eucalyptus grandis</i>		

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID
GrmiPEP319a	<i>Gossypium raimondii</i>	GCGTATCCTCCACTTACGGATTCAACCATAGCTGCTATAGCCCGAGTTTGCTT GTCATAATAGAAATAAAGCTAAGGGAGAAAAAGCTCCTCCACTCTCGCCTTTT TCTTCTCGAGTCTCTCTTTGACTGGCTTTTGTCGCAAGATCTTCCTTTTTT AAACAGTCGCTTTTACTCTCCCTTTCCCTTTCTCTCTAATTGCTAAAGC AGCTCCACTTCCACTCACTTTAAACCATGATGATCCATTTCAAACCTGTACAGTG GAGAGCAATTGTATGGCTAATTTCCATCTCACCTATCTTTTCTGTGGGG TTCTCTAGTCTAGGGTTGCAATGACATGAGAGACATGGCTCTTTTTTTTTT CAGTTCACAGGTGTTTATATATATGTTGTGTATTTTGTCTTAAAGCTTTGTG ATTGATGATCTGATAGGTAAGAGAGAGCTTTCTTCAGTCCACTCATGGGATG GGGATGGGGTTTAATTAGCTGCCGACTCAATTCATCCAAATACGTGTACAA AATCCAGTAAATGAGTGAATGATGCGGGAGACAAATTTGAATCCTAATCTTCC TGTGCTTGACTGAAGGAGCTCCCTCCC	SEQ ID NO: 263
MtmPEP319a	<i>Medicago truncatula</i>	ATTTATCCAATCATGTGTGCTCTCACTTCTTTTCAGCAGTTCCTGTGTGATAICACC CTTTGTAGTTGAAGCTTTGGATTCAAGACTTTATGAGATGGTAAATCTTTAAAT TAAGTTTAAAGTATGCACCTTGATTTGTTTATATAAATTTGTTTATTAGATTTTAA ACCCTAAGTTGACTTTTTAATTGATTTAAATATATGATATGATTTGTTATTGG CTTACCATGGTCAATAATTAAGGGTTTGAAGATGCATGATATCTTGAATGT TTATGGTAATAAAGGGTTAGGATTTCTCTTTTGGTGAAGTGAGAAAAATCT CATAATTTGTCTGAAGGTAGTTTTTAAGATTTAGGGTTATGGGTCTTTGT TTGAATGCTTTTCAAGTCTTTTCAATGATATTTGCCTAGATCTGTTTAAAT TTGAATTAATAATCTGGGTTGGATTATAATATTGAAGATTATTAATTA ATTTATAGAAATAGATGAAGAGAGCTTCTTCCCTCAGTCCACTCATGGAAAGGT AAGGGTTTGAATTTACCTGCTGACTCATTTGATTTCAACACACAATAGACAAT ATGGGTTATGCTATTTGAAATGTGTGAATGATGCAGGAGGTGAATTTCTT CCTTTCTCTTGTCTGGACTGAAGGGAGTCTCCCTTT	SEQ ID NO: 264

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID NO: 265
OsmiPEP319a	<i>Oryza sativa</i>	TTATATCTGACGCGTTGTAAATCTGTGTTAATTAGGGCTTTGCCCATTTCTTTTG ACCCCTCCGGACATTCGCTAGTTGGAACTTGTGTTTACTCTAGCAGTGTAC TGTGTAGTACTTATTACGAGCAACGTAATAAATAATGGAATGATAC AAAGGCCGTGTTAAATTTTAAATTTTTCATAAATTTCAACACTTTACATC CCATAAAAGCTTACTATACATACAAACTTCCAACCTTTTCGTCACATCGTAT CTAATTTCAACTAAACTTTTAAATTTTAGCGTGAACACACAGCCGAAAGCC CGGCCACATTCACATATTTTATTCATTTTATCATGCGTGTGATGTCACGCCCT TGGCCCTATTTAATAGGCCCTTCCTCAATTTCTTCCATATGATGTCTCTCTCT CTATCCCTCTTGCCATCTCTATCTCCCTCTTGACCCCATCTTTGTGATAACT TCTACTAGCTCCTCTCTACTACCAGTCAATACCACCTCTCACAAATCCCTCCAAAG ATCCGATGGGGAAGCTCCAAAAGTTTTCGTGGTTAGTTTAAATTTTCATGCTT GTTTGTGCGGTTTTCATGTTGATCTGATCTTAATAATATGAGACTGCTGTTA ACATAATCTTTTAAATTTGATGGAAGAACGCGATCGATGGATGGAAGAGCGGA TCCCTCAGTCCACTCATGGCGGTGCTAGGGTCGAATTAGCTGCCGACTCATT CACCCACANTGCCAAGCAAGAAAGCGTTGAGATAGCGAAGCTTAGCAGATG AGTGAATGAAAGCGGAGAGTAACGTTCCGATCTCGCGCGCTCTTTGCTTGGGA CTGAAGGGTGTCCCTCCCT	
PpmiPEP319a	<i>Physcomitrella patens</i>	TGGGATCCACACGAGTAATTATTCCCTCTCTCATGCATCACAACTTGGACTTG CCCAGCTTTTACCTCTCTCCATGTCTCCACCGTCGGAGATCCTCGGTGCTGCTA CCCCGTTCCGGCCAAACCCAAACCCAAACCTAGGTGCTGCCGGACCTCCGCT TCCCCTCCTGCTTACCCCTGCACCGCTTAAATTTGCACCTCGTAGTATTTA TCTATGCCCATTTTCAGATGACTGCAATGACACCCATCTGGATTCGTCTCCAG GCGCTTGTCGTATCTATCGCTATCAGTCTTCTTTCAGTCTGCTTCTGCTCC AAGCACACCGTGTGTTGGTGTGCTATCAGTCTGAAGCAGTCGCCGCAAGGGT CCTTGTATCCAGCCCTCACCAGGAGACAGTTCGCTTCGGGTGGGAGAACTG TTGAGACCGTCTGATGTTGCATGCAGCAGCACTGGCGAAGGTGCTTCTGTATAC TGGGTATCCAGCCTCGCCGCTCGGTGCACTGCAGGTACGTGGTTACATGAC ACTACTGTGTGGGTAGTCTGGGCACAAGTAGATCGACATGCCAGATTGGCC CGTAUGCGTGATGTCGGGTATGTTTCCCGTTCGATTCGCGATACCTTGAAT GTGGAGCTCCGTTTCGGTCCCAATAGTGGCTGCGAGCGGAAGGTGTCGCCGTG CCGAATCACAGTCCGGGTGCTTATCGGGGCAAGGGCCCCGATACGGTATCC GAACGTTTGTCCCGGGAACCTGGTTCGACCTTCCGCCCGGCGTCTCTTGACTG AAGGGAGCTCCACT	SEQ ID NO: 266

(continuación)

miPEP	Organismo	(continuación) Secuencia del pri-miR	SEQ ID
AtmiPEP395c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TTGTATCATGACAGCAAGAAAGAAAGTCAAATGTCCACATGAGTTCCC TTTAACGCTTCATTTGTGAATACTCAAAGCCACATTTGGTTGTATATAACACT GAAGTGTGGGGGACTCTGGGTGTCAT	SEQ ID NO: 270
AtmiPEP395e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TTTCAAAACCTAAACATCTTATAAAACCGATCGCCAAAATGTATCTACAAATAT ATTGATAATGTAATAATCTATATAATTCAAACAATCGTCGTGTGGTCGGAATGT TTCTAGAGTTCTCTGAGCACCTTCATTTGGAGATACAAATTTTATATAAATAGT TTTCTACTGAAGTGTGGGGGAACCTCCCGGCTGATTCGGTATTTTAAATTC AGTAGACTAGCTAGCTG	SEQ ID NO: 271
AtmiPEP397b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TGGTAATAGAAAATGAGCAAGGAGATATTTTTTCCCCCTGGGTTTGAATGAAC ATCATTGAGTGCATCTGTGATGTAATTTACTTATTTATTTATCCATTTGTGAATT AATTAAGAAAGTATATATCAGCGTGTGATTCATCAATATGTTTCTAATTTCA GGAAATACAAAATAATGAAAAAATAATCACTTAAAAAGACCTTGAGAGT TCCTTTGACT	SEQ ID NO: 272
AtmiPEP398c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	GGATATCGAAAACTCAAACTGTAAACAGTCCCTTTATTACTGGTTTAGAAGATA GATAAATATTGTAAAGGTAGTGGATCTCGACAGGGTTGATATGAGAACAACAC GAGCAATCAACGGCTATAACGACGCTACGTCATTTGTTACAGCTCTCGTTTCA TGTGTTCTCAGGTCAACCCCTGCTGAGCTCTTTCTCTACCGTCCATGTTTTATCA ACGCCGTGGCCCGTGTG	SEQ ID NO: 273
AtmiPEP399b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TCCTATAGAGATGAAGAGAAACATGTAAACTCACTAGTTTTAGGGCGCCTCT CCATTGGCAGGTCCCTTACTTCCAAATATACACATACATATATGAATATCGA AAATTCGATGATCGATTATATAAATGACCTGCCAAAGGAGAGTTGCCCTGA AACTGGTTC	SEQ ID NO: 274
AtmiPEP399d1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CAATAACTCAAAATGCAATGTGAAATATGAAGAATATATAAATAGTAGTGA AGATGCATGTTTATGAAGACAGAGAGATAATGTATGGTTGGATTACTGGCGG AATACTCTATGGCAGATCGCATTTGGCTAGATATGCAAGTAAATGCTCTC TGCCAAAGGAGATTGGCCCCGCAATTCATCC	SEQ ID NO: 275
AtmiPEP403	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATTTAGGTCTCTCTCTCTCTCTTTTCTCTTCTTGAGCGCCGCGAAAAAAG TCCTGTGAGAAAAAGATACGACGATTGTCAATTAGAAGAGTCTGATTACATG TTTTGTGCTTGAATCTAAATTCACACAGGCTTTATGTAAAGAGATCTTTAAACAAT TCCTATAATCTTTGTGTGGATTAGATTACGACACAACACTCGTAATCTGTCT TTTCGATTTTACCAGATCTGTG	SEQ ID NO: 276

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID NO: 277
AtmiPEP447a1 AtmiPEP447a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	AAATATATCCATGTCATGGCTCATCATATAGTCGCACCTGCTCTCTTTTCTICA AAGTTTAAATTCGACATTTGGTAAAAATGATGAAACCTCGATGGAAACGTCTCT CTTATGGAAATCACGGAAATGGACAAATAATCAAAATCAGAAATCGAAAGCGA AAAGGAGGAGAAACACGAGATTTGGAGGATTTGGGACAGATAGATACT GTGAAATGCATCACTCTAAATGCTATCAGCCATTTAATAGCGTCTATATTTTC GAAGACTTTTAAATGTTTAGGGTTATGGATTTTCGAGCGAAGCATGGAGAGA TGTGAAATGGATACATATAGGATTTGGTACAACACATACATATGTTCTGCTTC TGCAAAACTAACATATCAAGTTCAGAGAAACCGATAAGTCGTGTAATATTTT ATTATCCATTCAACGCTTTCTTTTGGATCATGCTTGTGTTGCTTGACCACT TCTTCTGCTTAAGAGGATGGACAATATATAAACTGGAGCCTTCTTTTCT ATGAATGCTTATCATCGGGAGTTGATCTGTTCAATTCACCTGCCATTGGATG CTTTTATATATCACTCACTGTTCAATTTTCAGATGCTTTAGAAAGGTTGGGG AGTAGCTAGAGAACTGGTATCTTCAGTTCCTCAATTCAGCTACTTGGTATC AGCTTCGTCATTGTATATCAACACATCTTAATATATAATACTACTTTTCAT CCATTAAACCCCTTACAATGTCGAGTAAACGAAAGCATCTGTCCTGCTGTAAT GTCTTCGAGCTTGGTGTCTTTCTAGCCAACTCCAAGTCTCGAGTTGATCA TTGTTGTATCTTGAGACATTTATGGGGACGAGATGTTTGTGACTCGAT ATAAGAAGGGCTTTATGGAAGAAATGTAGTATTATATATATCGAGAGTG	
AtmiPEP447b1 AtmiPEP447b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	CTATAAATGCTGCTTATCATCGTGGAGTTGGTTCTGTAAACATTTGAAAAATTC TGAAACAGTTTCACCTGCCATTGGATGCTTTGTTTCAATTTTCAGGTGCGTTAGA AGGTTTGCAGAGTAGCTAGAGAAATCTCGTATCTTCACCTTTCTGCTACTTGGTA TCAGCTTCGTCACTTTATATCAACACATCTTAAATACATACATCTTTTTC ATCCATTAAATCCCTTACAATGTCGAGTAAACGAAAGCATCTGTCCTGCTGAT TGCTTCGAGCTTGGTGTGTTTCTAGCCAGCCCAAGTTCCTCGAGTTGATC	SEQ ID NO: 278
		ATTGTTTGTATCTGACACATTTATTTGGGGACGAGATGTTTGTGACTCGAT ATAAGAAGGGCTTTATGGAAGAAATGTAGTATTATATATATGAGAAATG	

(continuación)		
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR
AtmiPEP447c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TAGTATAACCGCTGATGTACACCTACAGCTTGATAACTCTTTTCGTGGTTT CTGTACTCTGTTCTGTGTGTACAGATACCTCTGTTCATTTTCAGATGCTTT AGAAAGTTTTCGGAGTGGCTAGAGATCTGTATCTGTATGAACAGCTACTTG GTATCAGCTTCGTCTATTTATCAACACATCTTATATACAAATACCTCTTTTC ATGCATTAAAGCCCTTACAATGTCGAGTAAACAAGCATGTGTCGGCTAATA TTGTCTCGAGCTTGGTATTTTGTATCTCATACGGTATTTGGGACGACAT CTTTGTGACTCGATATAAGAAAGGGGTTTGTGGAAGAAATGTAGTATTA TATATCAAGAAATG
DmmiPEP1a DmmiPEP1b	<i>Drosophila melanogaster</i>	TTTGTGGAACACATTCGACCCACTGAAAAATTGATATAATTAATGAAAGTG CATAAAAATGGTGACAGTGCATTAAACTGAGCATTTGAACACAAAGCCGC TCAGCAAAATTGCTAATTAAATTCACGATTGCCATTTCACCTGACACGTTGAC GATTTTCATTACAATTCGATTATGTTTCGTTGCAGGGAATTTAAATGTTAAT TGCCAAAGAAATGTTCAACAATTCATTTCTCATTAAATGTCCTTTTCATTTAA TTTTATGTTGATGAGCTGCACGAGAAATGAGTTGTACTTTTAGTTCGACGGC AGAGTCATGAATGTTTCGCAAGAAATGTAATAATAACTATCCCTTTAGACA AATATAGATACAAATCTATCAGATTCTAAAAGTAGAATAAATCAATTAATCAG AAAGCTAAAAATAAATAGGCATATTTATATTTAAATGCGGATTTTGAAGTT CAACGGGAGAAATGAATCTCTTTTACCAGCCACAGGCGCAATTTGCAACAGA AAGTGTAGCAGAAAGTACTCTCGAATATTTCCCTGCTCCAGGAGTCATCCAT GTGGTTTCGAGGCACACATTTGACAAACTCATGCCCGCTATTGTGTAAA AACACAATCGCACACATGGCCGCAATTCGGCGACTTCCAGAGAGCGGTACAC TTAAGGCGGCTGGAAACGCTGCAATCTGTGGTCGGAACACTGCAGATTG CATCCATGTGCCAGGCGACCATGCGACCATGTGACCATGTGCCCGCCGACG CCTCGACGCCACATCCTGCCCATCGAGGGCACAACTCAGCGTGGGTATGTC CGCTCCGGCTGCTCAAGTAGGTAAAAACCGAGAAGATTGAGGATGAATGT ATGAGTATGAGAAATATCTCGCGGAACATATGCTGCCGGCTTGACCTGAC CCTGCCCTCATGTGTGGGTCTCCGATTAAATTTTAGGCACCTATATAAACGGGT GTTTACACTGCAGCCAGAACACAGTCGCCGCTCTCAGTTCCGCCGCTCAACT CCTCGATCGATCGATCGATCGTCTCGGATCGAATAGAGCTGGGCTTCTGCT CCGGAGCTACATCGCCGTACTGTGCGGACGAGTGTGGTGTGAAAAAGTCGCT TAGTCCGGGATCTCTGCCAGATCTTAAGGGATGAGCTGGCATCCCGAGGCTG GCCATGTGGCGGAAAGTATGCGCACAAAAAAGTCAACAAAAAGGCGCAAT TTTATTACGGGCAACCAACGACGAAACAAAAACAAAAAGCCAACCGAAAAAGCA

miPEP	Organismo	(continuación) Secuencia del pri-miR	SEQ ID
		GAAACAAAGCAGCAAAAAGTTTATGAAATTTTGTGACGGCGGTGAAAAGAT GCAAAACGAGAAAAAACAATGAAAAAACAATTAATAAACAACAAAAA ATCCAAACACAGATACCGAGCTGTATCCGAAACGAGTGGGAAAGGGGTTT CCCAGTCACATATAAACACACTTTCAGTGGCTTAAAAATTGCTTTATTGCAGT TGGACTATAAAAACGCACGGCAGCGAACACCCGCACAAACAAAAGGACGAGC AGAAGTGGCAATAAAACGAAAGCTCTTAAACGAAAAACAGGAAAAATTG CATGCCACAAAAATAAGCATAAGGATTTGCCGCGCACAAAGTAGAAGCAAA AAGGAATTGCCCAATGCAGCCACAAAAGACTGTGGCAAAATGTTTGCAGCT TGCCCCCTTTTCCCTGCAATTACCGTCAGTCGTTGTCATTATTCAGCAGATT TATGGTTTGTCTATCCGGACCACCATCATCATCATTAATCATCATCTTC GGTAAGTTAGACAATCCCATAAAAAACTGTCCAAAGTGTGAGTATTCAGCCAA AAGTTAGCCGCGTTGTGAAATATCCAAACAAAGACCATCCCATATTTCAGCC TTTGAGAGTTCATGCTTCCCTTGCATTCATAGTTATATTCAAGCATATGGAA TGTAAGAAGTATGGAGCGAAATCTGGCGAGACATCGGAGTTGAAACTAAA ACTGAAATTTGATTGAAACAGAAATAGAACCCGTAAATGAAATGAAATGAAATA TTAACCCGTTTCTACAATCCCTGAATAAAATTAATTAATTAATATAGAGCGGG CTAATTTTACAATATATATTGATTTTTTTTTTGAAG	

(continuación)			SEQ ID SEQ ID NO: 281
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	
DmimiPEP8	<i>Drosophila melanogaster</i>	ATTCTTTTGTGCTCGATCGTGACGGTTTGGCTCGCGCTCTCCGCTGCGCCG CTCTTCCGTTGCATATGTGTGCGGGCGTTATGTGTCATGTTCCGGTGGCCG AAAAAAATAGTAAATAAATAATAGAAAACAGAAACCAAGAATAATAAC AGCCATACGATAAACAGTGTGCCAATGTGTGTCTGTGTGTGTGTCATCT CGCGTAACAACAATAATTGCAATTTATCGGATGGCGCCAGCTTCAATTTAATT ATAAATAACATGTTCAACTTTTATACTATTTTCCCTGGGTCAAAGTGGCGGT TGCAACTGCCCCCGGAAATCACGGCCCCCGTTCAAAGTTAAAGTTTGTGTG GGTAAACGCACACACACACACAATCACTCACACGGGTACACACGCACA TTTCATAAACTAATG ¹ GAGCCTGGCTTTGTTTGTATTATTTCCCAACCCACT TGAGCACACAGCACACAGAGAGAAAATCAATACTCGTTATGGGATTAA ATTTACAAAGCGCAAGCAAGCGACAAACAATAATTCAAAAGAAAGAAAA AAAAACTCAATAAACTCACAAAGAAATTCCTTATCGCCAAGGGGCCAA TGTCTAAGGTCTTTTCGCCCTTGA ¹ GAACTTTGAGCTTCCCTCTGGCAAGGAG ATTATAATGTACAAATAATGTTGCAATAACCAAGTTGAAACCAATGGAAATACC GAATCTTGCTAATTAGCAAGGACATCTGTTTCACATCTTACCGGGCAGCATTA GATCCTTTTATAAATCTAATACTGTACAGTAAAGATGTGTCCTCGTGTCTTA ACCTTCAGTACCAACACAGCAGCAGCAGCAGCAAAAAAATAAAAAA ATGCGTAAAAATCCAAACAAATCATAAAAATCGAAGGA	

miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID
HsmiPEP155	<i>Homo sapiens</i>	GCCGAGCCCGGGCCCAAGCGCCCTGCAGCCTCGGGAAGGGAAGGGATAGC GGAGCCCGGAGCCGCCCGCAGAGCAAGCGCGGGGAACCAAGGAGACGCTCC TGGCACTGCAGATAACTTGTCTGCAATTTCAGAAACAACCTACCAGAGACCTT ACCTGTCACCTTGGCTCTCCCAACCAATGGAGATGGCTCTAATGGTGGCACA AACCAGGAAGGGGAAATCTGTGTGTTAAATTCCTTATGCCCTCATCCTCTGAG TGCTGAAGGCTTGTGTAGGCTGTATGCTGTTAATGCTAATCGTGATAGGGG TTTTTGCCCTCCAACTGACTCCTACATATATTAGCATTAACAGTGTATGATGCCIG TTACTAGCATTCACATGGAACAAATTGCTGCCGTGGGAGGATGACAAAGAA GCATGAGTCACCTGTGGATAAACTTAGACTTCAGGCTTATCATTTTTCAA TCTGTTAATCATATAATCTGCTCACTGGGATGTTCAACCTTAAACTAAAGTTTGA AAGTAAGGTATTTAAAGATTATATCAGTAGTATCCTAAATGCAAAACATTTT CATTAAATGTCAAGCCCATGTTTGTGTTTATATCATTAACAGAAAATATATCA TGTCATCTTAATTGCAGGTTTGGCTGTGTCATATATAATGTTCATAAACACC TTTGATTCAACTGTTAGAAATGTGGCTAAACACAAATTTCTATAATATTTT GTAGTTAAAAATTAGAGGACTACTAACCTCCAGTTATATCATGGATTGCT GGCAACGTTTTTAAAAAGATTAGAAACTGGTACTTTTCCCCCAGGTAACGAT TTTCTGTCAGGCAACTTCAGTTTAAAAATTAATACTTTTATTGACTCTTAAA GGGAAACTGAAAGGCTATGAAGCTGAATTTTAAATGAATAATTTTAAACA GTTAGCAGGGTAAATAACATCTGACAGCTAATGAGATAATTTTCCATACAA GATAAAAGATTTAATCAAAAAAATTTTCATATTTGAAATGAAGTCCCAAATCT AGGTTCAAGTTCAATAGCTTAGCCACATAATACGGTTGTGCGAGCAGAGAAT CTACCTTCCACTTCTAAGCCGTGTTCTCTCCATATGGGGATAAATACTTTAC AAGTTGTGTGAGGCTTAGATGAGATAGAGAATTATTCCTAAGATAATCA AGTGTACATTAAATGTTATAGTTAGATTAAATCCAAAGAACTAGTCAACCTACTT TATTAGAGAAGAGAAAAGCTAATGATTGATTGATTGAGAAATATTTAAGGTTTG GATTCTATGCAGTTTTTCTAAATAACCATCATCTTACAAAATATGTAAACCAAC GTAATTGTAGTATATTAAATGTAACACTGTGTTTAAACAACTCTTCTCAACATT	SEQ ID NO: 357

[illegible]

[illegible]

(continuación)			SEQ ID
miPEP	Organismo	Secuencia del pri-miR	SEQ ID NO: 410
AtmiPEP396a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	TCTCACAACCTTCAACTTCCCTCTTTCTCTATAATTACGCCTTTTGCCCTCCACTCCCTCTTTCCACAATTAGGGTTTCGCTCTGCTCATATGACCCCTCTCTGTATCTTC CACAGCTTTTCTTGAACCTGC AAA ACTTCTTTCAGATTTTTTTTTTTTCTTTTGATATCTCTACGCATAAAAATAGTGATTTTCTTCATACTCTCTGCTCGATTGATTGCGGTCAATAAAGCTGTGGGAAGATACAGAC	
AtmiPEP399c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	GAATAACCAACCAGCCTCTCTCAAAAGCAAAACCAAAAAGAAAAACCAACATTGAAAGAGGAAGTTACGATAAGCGGAGCAGTAATAGGGCATCTTTCTATTGGCAGCGACTTGGCTATTGTATCTTTTGTGTCTTGACTATTGGCTATGTCACTTGCCAAAAGGAGAGTTGCCCTGTCACTGCTTCCGCTTAAACACAGTCTATAACCGGTTCTGCTAATATCAATCCTTCTTTTGGACATGTCCAAAAGCCGAGATTGATTGATAGAGAATTGGTCTCTCTGGCTACAAAACCTAGTGGGTTCTCTCGATTTAAGTTTAAATAGCATTCACCTTTCACATTTGCATCTTTTCACATCAAAATTCCATTTCAACAACCATCTAAACCTCTTTGTAGCTTTTGATATAAGCAACGATCTAAAAGTCTAAAAACCATTAATCCTCTGAAAAAAAAGACAATTCGATGGTCTATTATGTTCTCCAAATGCAGAAATTGTATCTGCTGTAATTATAGTAGATTTTCTTAGACTAAAGTGTAAACCAAGACGAATCTGCACCTAACAAAGACACACCAATAGACTTTACAGAGAAAGGTTACGAGTTTGTGAAAATATTAAACGGACCATAGTATCGCG G	SEQ ID NO: 411
MtmiPEP169d	<i>Medicago truncatula</i>	TGGATAAGTTAAATTATGGTCAAAGAGTCTTTTCATGGAGAGGTTGAAAAGTGAGATGAAGCCCAAGGATGACTTGCCGGTATAATAGTAATTGGCCACAATCTAGATAGCTATTAGCTAIGTTTGGATGGCGGTGAGATTAAACAAATTACAGCAGCATTGTGATTTTGTGTGATGCTTTAAAGTGTAGTTTTTATCAAAAATTACAGTGGTTCACTGTAAATTATGAGAAATCTCACCGTCAATCTAAAATATGCAATTTAGTTTCA TTTCCGGCAGGTCAATCTTCGGCTATATT	SEQ ID NO: 426

Tabla 4. Lista de microARN (miR)

miPEP	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
AtmiPEP156a1 AtmiPEP156a2 AtmiPEP156a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugacagaagagagugagcac	SEQ ID NO: 282
AtmiPEP156c1 AtmiPEP156c2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugacagaagagagugagcac	SEQ ID NO: 283
AtmiPEP156e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugacagaagagagugagcac	SEQ ID NO: 284
AtmiPEP156f1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugacagaagagagugagcac	SEQ ID NO: 285
AlmiPEP159a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	uuuggauugaaggagcucua	SEQ ID NO: 286
AtmiPEP159a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuuggauugaaggagcucua	SEQ ID NO: 287
CrmiPEP159a	<i>Capsella rubella</i>	uuuggauugaaggagcucua	SEQ ID NO: 288
AtmiPEP159b1 AtmiPEP159b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuuggauugaaggagcucuu	SEQ ID NO: 289
AtmiPEP160a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccuggcucccuguaugcca	SEQ ID NO: 290
AtmiPEP160b1 AtmiPEP160b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccuggcucccuguaugcca	SEQ ID NO: 291
AtmiPEP161	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucaaugcauugaagugacua	SEQ ID NO: 292
AtmiPEP162a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucgauaaaccucugcauccag	SEQ ID NO: 293
AtmiPEP162b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucgauaaaccucugcauccag	SEQ ID NO: 294
AtmiPEP163-1 AtmiPEP163-2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uugaaggagacuuggaacuucgau	SEQ ID NO: 295
AlmiPEP164a1 AlmiPEP164a2 AlmiPEP164a3	<i>Arabidopsis lyrata</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 296
AtmiPEP164a1 AtmiPEP164a2 AtmiPEP164a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 297
BrmiPEP164a1 BrmiPEP164a2 BrmiPEP164a3	<i>Brassica rapa</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 298
CpmiPEP164a1 CpmiPEP164a2	<i>Carica papaya</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 299
CrmiPEP164a1 CrmiPEP164a2 CrmiPEP164a3	<i>Capsella rubella</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 300
GrmiPEP164a1 GrmiPEP164a2 GrmiPEP164a3	<i>Gossypium raimondii</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 301
MtmiPEP164a1 MtmiPEP164a2	<i>Medicago truncatula</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 302
OsmiPEP164a1 OsmiPEP164a2	<i>Oryza sativa</i>	uggagaagcagguuacgugca	SEQ ID NO: 303
AlmiPEP165a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 304
miPEP	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
AtmiPEP165a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 305
BcmiPEP165a	<i>Brassica carinata</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 306
BjmiPEP165a	<i>Brassica juncea</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 307

BnmiPEP165a	<i>Brassica napus</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 308
-------------	-----------------------	------------------------	----------------

(continuación)

miPEP	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
BomiPEP165a	<i>Brassica oleracea</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 309
BnmiPEP165a	<i>Brassica rapa</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 310
AtmiPEP166a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 311
AtmiPEP166b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucggaccaggcuucauuccccc	SEQ ID NO: 312
AtmiPEP167a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugaagcugccagcaugaucua	SEQ ID NO: 313
AtmiPEP167b1 AtmiPEP167b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugaagcugccagcaugaucua	SEQ ID NO: 314
AtmiPEP169c1 AtmiPEP169c2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cagccaaggaugacuugccgg	SEQ ID NO: 315
AtmiPEP169l1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uagccaaggaugacuugccug	SEQ ID NO: 316
AtmiPEP171a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugauugagccgcgccaauauc	SEQ ID NO: 317
AtmiPEP171b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uugagccgugccaauaucacg	SEQ ID NO: 318
MtmiPEP171b1 MtmiPEP171b2	<i>Medicago truncatula</i>	ugauugagccgcgucaauauc	SEQ ID NO: 319
ZmmiPEP171b	<i>Zea mays</i>	ggauugagccgcgucaauauc	SEQ ID NO: 320
AtmiPEP171c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uugagccgugccaauaucacg	SEQ ID NO: 321
MtmiPEP171e	<i>Medicago truncatula</i>	agauugagccgcgccaauauc	SEQ ID NO: 322
MtmiPEP171h	<i>Medicago truncatula</i>	cgagccgaaucaauaucacuc	SEQ ID NO: 323
AtmiPEP172a1 AtmiPEP172a3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	agaauucuugaugaucugcau	SEQ ID NO: 324
AtmiPEP172b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	gcagcaccuuuagauucac	SEQ ID NO: 325
AtmiPEP172c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	agaauucuugaugaucugcag	SEQ ID NO: 326
AtmiPEP172e1 AtmiPEP172e2 AtmiPEP172e3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ggaauucuugaugaucugcau	SEQ ID NO: 327
AcmiPEP319a1 AcmiPEP319a2	<i>Arabidopsis cebennensis</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 328
AhmiPEP319a	<i>Arabidopsis halleri</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 329
AlmiPEP319a	<i>Arabidopsis lyrata</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 330
AtmiPEP319a1 AtmiPEP319a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 331
BnmiPEP319a	<i>Brassica rapa</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 332
CpmiPEP319a	<i>Carica papaya</i>	uuggacugaaggagcuccuu	SEQ ID NO: 333
CrmiPEP319a	<i>Capsella rubella</i>	uuggacugaaggagcucc	SEQ ID NO: 334
EgmiPEP319a	<i>Eucalyptus grandis</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 335
GrmiPEP319a	<i>Gossypium raimondii</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 336
miPEP	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
MtmiPEP319a	<i>Medicago truncatula</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 337
OsmiPEP319a	<i>Oryza sativa</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 338
PpmiPEP319a	<i>Physcomitrella patens</i>	cuuggacugaaggagcucc	SEQ ID NO: 339
ThmiPEP319a1 ThmiPEP319a2	<i>Thellungiella halophila</i>	uggacucaaggaagcucucu	SEQ ID NO: 340
AtmiPEP319b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggacugaaggagcucccu	SEQ ID NO: 341
AtmiPEP394a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggcauucuguccaccucc	SEQ ID NO: 342

(continuación)

miPEP	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
AtmiPEP395c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cugaaguguuuggggggacuc	SEQ ID NO: 343
AtmiPEP395e1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cugaaguguuugggggaacuc	SEQ ID NO: 344
AtmiPEP397b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucauugagugcaucguugaug	SEQ ID NO: 345
AtmiPEP398c1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uguguucucaggucaccccug	SEQ ID NO: 346
AtmiPEP399b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccaaaggagaguugcccug	SEQ ID NO: 347
AtmiPEP399d1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccaaaggagauuugcccog	SEQ ID NO: 348
AtmiPEP403	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuagauucacgcacaaacucg	SEQ ID NO: 349
AtmiPEP447a1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggggacgagaguuuuuguug	SEQ ID NO: 350
AtmiPEP447a2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggggacgagaguuuuuguug	
AtmiPEP447b1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggggacgagaguuuuuguug	SEQ ID NO: 351
AtmiPEP447b2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuggggacgagaguuuuuguug	
AtmiPEP447c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cccccuaacaugucgaguaaa	SEQ ID NO: 352
DmmiPEP1a DmmiPEP1b	<i>Drosophila melanogaster</i>	uggaauguaaagaaguauggag	SEQ ID NO: 353
DmmiPEP8	<i>Drosophila melanogaster</i>	uaauacugucagguaaagauguc	SEQ ID NO: 354
HsmiPEP155	<i>Homo sapiens</i>	uuaaugcuaaucgugauaggggu	SEQ ID NO: 358
AtmiPEP157c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uugacagaagauagagagcac	SEQ ID NO: 412
AtmiPEP157d	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugacagaagauagagagcac	SEQ ID NO: 413
AtmiPEP160c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccuggcucccugauugcca	SEQ ID NO: 414
AtmiPEP164b	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uggagaagcagggcacgugca	SEQ ID NO: 415
AtmiPEP166c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucggaccaggcuucauucccc	SEQ ID NO: 416
AtmiPEP166d	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ucggaccaggcuucauucccc	SEQ ID NO: 417
AtmiPEP169a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	cagccaaggauagacuugccga	SEQ ID NO: 418
AtmiPEP169h	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uagccaaggauagacuugccug	SEQ ID NO: 419
AtmiPEP169n	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uagccaaggauagacuugccug	SEQ ID NO: 420
AtmiPEP170	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugauugagccgugucaauauc	SEQ ID NO: 421
AtmiPEP396a	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uuccacagcuuucuugaacug	SEQ ID NO: 422
AtmiPEP399c	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ugccaaaggagaguugcccug	SEQ ID NO: 423
AtmiPEP169d	<i>Medicago truncatula</i>	aagccaaggauagacuugccgg	SEQ ID NO: 427

Tabla 5. Lista de los pre-miR de control

Pre-miR	Organismo	Secuencia del pre-miR	SEQ ID NO:
Pre-miR169	<i>Medicago truncatula</i>	TTAGGGTTTTCAGCTCATGGTAATAAAAATGTCATCTAATGTCTTGCAATGT GGGAATGAGGTGATATATGCAAGCAAGGATGACTTGCCGGCAGCCCTCTT TCGATACCTTTATGACATAATTAATCATGTGGATAGCCAAAGGTACTAAACT CCTTTGCACTAAACAAATAATTTTGTCTTTAGTGCAAACTTAGTTAGGC GCTTCGCAAGGCTAGTCAAATGTCTCTAGTTCCAAATGTGATTTGTTGCCG GCAAGTCGCTCTGGCTACGTAAAGGCCCTCTTTTTCATGTCTAGATTTTIG ATGATTTGATATAGCCACACATATTTTGGAA	359
Pre-miR169a	<i>Medicago truncatula</i>	AAGAGCAGAGAGAGTAATGCAGCCAAAGGATGACTTGCCGACAAACATTTG GCGAAATGTTTCATGTGATTTCTGCTCATTTGTGCCGGCAAAGTTGTCTTGGCT ATGTTAGTCTCTCATCTCTCT	360
Pre-miR171a MI 0001753	<i>Medicago truncatula</i>	TGAATTCCTCCCTCCGCTTTTGTGATGTGGCTTGTCTCAATCAAAATCAAAAGTTC TTGAAATTTTGAGTCTTTAGTCTGATGTGAGTCGTGCCAAATATCATATTAAG CGATAAAAGTC	361
Pre-miR171h	<i>Medicago truncatula</i>	CCACAAAACATAAAGTAGCTAGAGCTTTAATCGCTTATTATTATAATA ATAATAATAAATAATGGCTTCAGCTGCAAAAGTATACATGGCGTGATATTG ATCCGGCTCATCTATATCTCAAGTTCAATCATCCATATTCATATCAATTC AGACGAGCCGAATCAATATCACTCTTTTGTCTTCATTTGCATATTAATAT ATCTTCATTTATAAGTTAAGTTTGGCCATATATAATAGATTTGATTTCTGC AGAAAGTAGACAGGAGTGTTGTTTCTGCTCATCTTATTAATAATGAAT GAATGAATGACATTTGCTTACTTATAAGACGAGCCGAATCAATATCACCTC AGTACACCT	362
Pre-miR393a	<i>Medicago truncatula</i>	AACTGCAACTTGAGGAGGCATCCAAAGGGATCGCATTTGATCCTATAATAT TTCAACTTTAGTCACTTAATTTCTCTCATATAATACTTAATTTGGGATCAT GCCATCCCTTTGGATTCTCTCTTAGTAGCTAC	363
Pre-miR393b	<i>Medicago truncatula</i>	AGGCATCCAAAGGGATCGCATTTGATCCCAAATCTAATTAAGTCCCTAGCTA CTTAATTAACAACTTAATTTCTTAATATCTCATATAATTTGGGATCATGCT ATCCCTTTGGATTTCAT	364
Pre-miR396a	<i>Medicago truncatula</i>	TGCTTTTCCACAGCTTTCTTTGAACCTCTTTCTGTATCTTAATCTGTTTCAA GATTAAGTCTTAGAAGCTCAAGAAAGCTGTGGGAGAATA	365
Pre-miR396b	<i>Medicago truncatula</i>	TATCTTCCACAGCTTTCTTTGAACCTGCATCCAAATTTGAGTTCTTTTGCATTG CCATGGCCATTGTTTTCGGGTTCAATAAAGCTGTGGGAAGATA	366

Tabla 6. Lista de los miR de control

miR	Organismo	Secuencia del miR	SEQ ID
miR169	<i>Medicago truncatula</i>	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	SEQ ID NO: 367
miR169a	<i>Medicago truncatula</i>	CAGCCAAGGAUGACUUGCCGA	SEQ ID NO: 368
miR171a	<i>Medicago truncatula</i>	UGAUUGAGUCGUGCCAAUAUC	SEQ ID NO: 369
miR171h	<i>Medicago truncatula</i>	GAGCCGAAUCAUAUCACUC	SEQ ID NO: 370
miR393a	<i>Medicago truncatula</i>	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	SEQ ID NO: 371
miR393b	<i>Medicago truncatula</i>	UCCAAAGGGAUCGCAUUGAUC	SEQ ID NO: 372
miR396a	<i>Medicago truncatula</i>	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	SEQ ID NO: 373
miR396b	<i>Medicago truncatula</i>	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	SEQ ID NO: 374

Tabla 7. Polimorfismo de la secuencia de ADN de diferentes regiones del pri-miR171b

	Tamaño	nº de SNP	nº de mutaciones	% de SNP	nº de haplotipos
pri-miR171b	1127	91	100	8,07	161
5' pri-miR171b	129	4	4	3,1	5
miPEP171b	62	2	2	3,22	3
Pre-miR171b	118	1	1	0,85	2
miR171b+miR171b*	42	0	0	0	1
3' pri-miR171b	259	39	42	15,06	89

Las figuras y los ejemplos siguientes ilustran mejor la invención, sin por ello limitar su ámbito.

LEYENDA DE LAS FIGURAS

5 FIGURA 1. Efectos de la sobre expresión del Mtmir171b (miR171b identificado en *Medicago truncatula* sobre la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2* (A) o sobre el número de raíces laterales (B) en *M. truncatula*.

10 (A) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del Mtmir171b (columnas de la izquierda), de *HAM1* (columnas del centro) o de *HAM2* (columnas de la derecha) en una planta de control (columnas blancas) o en una planta en la que se expresa negativamente Mtmir171b (columnas negras). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10). La sobre expresión de Mtmir171b induce la disminución de la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2*.

15 (B) El eje de ordenadas indica el número medio de raíces laterales observados en una planta de control (columna blanca) o en una planta en la que Mtmir171b se sobre expresa (columna negra). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 100). La sobre expresión de Mtmir171b produce una reducción del número de raíces laterales.

FIGURA 2. Efectos de la sobre expresión del MtmPEP171b1 (miR171b identificado en *Medicago truncatula* sobre la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2* (A) o sobre el número de raíces laterales (B) en *M. truncatula*.

20 (A) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmPEP171b1 (gráfico de la izquierda), del miR171b (gráfico de la derecha, columnas de la izquierda), de *HAM1* (nº de acceso MtGI9-TC114268) (gráfico de la derecha, columnas del centro) o de *HAM2* (nº de acceso MtGI9-TC120850) (gráfico de la derecha, columnas de la derecha) en una planta de control (columnas blancas) o en una planta en la que se sobre expresa MtmPEP171b1 (columnas negras). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10). La

25 sobre expresión del MtmPEP171b1 induce un aumento de la acumulación del Mtmir171b, así como una disminución de la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2*.

(B) El eje de ordenadas indica el número medio de raíces laterales observados en una planta de control (columna blanca) o en una planta en la que MtmPEP171b1 se sobre expresa (columna negra). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 100). La sobre expresión de MtmPEP171b1 produce una reducción del número de raíces laterales.

FIGURA 3. Efectos del MtmPEP171b1 sobre la expresión del MtmIR171b y los genes *HAM1* y *HAM2* (A) o sobre el número de raíces laterales (B) en *M. truncatula*.

(A) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmIR171b (columnas de la izquierda), de *HAM1* (columnas del centro) o de *HAM2* (columnas de la derecha) en una planta de control (columnas blancas) o en una planta tratada por riego durante 5 días y 1 vez por día con el MtmPEP171b1 a 0,01 μM (columnas gris claro), 0,1 μM (columnas gris oscuro) o 1 μM (columnas negras). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10). La aplicación del MtmPEP171b1 a diferentes concentraciones induce un aumento de la acumulación del MtmIR171b, así como una disminución de la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2*.

(B) El eje de ordenadas indica el número medio de raíces laterales observado en una planta de control (columna blanca) o en una planta tratada por riego con el MtmPEP171b1 a 0,1 μM durante 5 días y 1 vez al día (columna negra). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 100). La aplicación del MtmPEP171b1 a 0,1 μM produce una reducción del número de raíces laterales.

(C) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmIR171b (columnas de la izquierda), de *HAM1* (columnas del centro) o de *HAM2* (columnas de la derecha) en una planta de control (columnas blancas) o en una planta tratada por riego durante 5 días y 1 vez por día con el MtmPEP171b1 a 0,01 μM (columnas grises), 0,1 μM (columnas gris oscuro) o 1 μM (columnas negras) o con 0,01 μM de un péptido mezclado (LIVSHLYSEKFDCKMRKILRI, SEQ ID NO: 428) (columnas gris claro) cuya composición en aminoácidos es idéntica al MtmPEP171b aunque la secuencia es diferente. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

FIGURA 4. Efectos del MtmPEP171b1 sobre la expresión del pre-MtmIR171b (A) y del MtmIR171b (B) en *M. truncatula*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa de los precursores de diferentes formas del microARN en las plantas de control (columna de la izquierda) o de las plantas tratadas por riego durante 5 días y 1 vez al día con el MtmPEP171b1 a 0,01 μM , 0,1 μM , o 1 μM (columna de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 200). La aplicación del MtmPEP171b1 a diferentes concentraciones produce un aumento de la acumulación del pre-MtmIR171b (A) y del MtmIR171b (B).

FIGURA 5. Efectos de la sobre expresión del MtmPEP171b1 (A) y los efectos del MtmPEP171b1 (B) sobre la expresión de diferentes precursores de miARN en *M. truncatula*.

El eje de las ordenadas indica la relación de la expresión de los precursores de microARN en las plantas que sobre expresan el MtmPEP171b1 sobre la expresión de estos mismos precursores de microARN en las raíces de control (A), o la relación de la expresión de precursores de microARN en las plantas tratadas con el MtmPEP171b1 (0,1 μM) sobre la expresión de estos mismos precursores en las raíces de control (B). Los diferentes precursores de microARN ensayados se indican de izquierda a derecha sobre el eje de las abscisas, a saber, pre-MtmIR171b (SEQ ID NO: 246), pre-MtmIR169 (SEQ ID NO: 359), pre-MtmIR169a (SEQ ID NO: 360), pre-MtmIR171a (SEQ ID NO: 361), pre-MtmIR171h (SEQ ID NO: 362), pre-MtmIR393a (SEQ ID NO: 363), pre-MtmIR393b (SEQ ID NO: 364), pre-MtmIR396a (SEQ ID NO: 365) y pre-MtmIR396b (SEQ ID NO: 366). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10). Se constata que el MtmPEP171b1 produce un efecto solo en la acumulación del MtmIR171b y no sobre los otros miR.

FIGURA 6. Efectos de la traducción del MtmPEP171b1 sobre la expresión del MtmIR171b puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*. El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmIR171b en las plantas de tabaco transformadas para que expresen el pri-MtmIR171b (columna blanca) o un pri-MtmIR171b mutado en el que el codón ATG se ha sustituido con el ATT (columna negra). El pri-MtmIR171b mutado es por lo tanto incapaz de producir el MtmPEP171b1. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). Se constata que la ausencia de la traducción del MtmPEP171b1 produce una fuerte disminución la acumulación del miR171b.

FIGURA 7. Efectos de la sobre expresión del MtmPEP171b1 sobre la expresión del MtmIR171b puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pre-MtmIR171b en las plantas de tabaco que se han transformado para que expresen el MtmIR171b (columna de la izquierda), el MtmIR171b y el MtmPEP171b1 (columna del centro), o el MtmIR171b y una versión mutada del MtmORF171b en la que el codón de inicio ATG se ha sustituido por ATT (columna de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). Se constata que la expresión del MtmPEP171b1 aumenta la expresión del MtmIR171b y este efecto depende de la traducción de la MtmORF171b en MtmPEP171b1.

FIGURA 8. Efectos del MtmPEP171b1 sobre la expresión del pre-MtmIR171b puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmIR171b en las plantas de tabaco transformadas para que expresen el MtmIR171b en los que el MtmPEP171b1 se pulverizó (0,1 μM) 2 veces, 12h y 30min antes de la toma de muestras (columna de la derecha) o no (columna de la izquierda). La barra de error se corresponde con

el error típico de la media (número de individuos = 6). El péptido MtmPEP171b1 utilizado por pulverización induce un aumento de la acumulación del MtmR171b.

FIGURA 9. Efectos del MtmPEP171b1 sobre la expresión del pri-miR171b (A), del pre-MtmR171b (B) y del MtmR171b (C) puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa de precursores de microARN en las plantas de tabaco modificadas para que expresen el MtmR171b (columna de la izquierda) o modificados para que expresen el MtmR171b y sobre expresen el MtmPEP171b1 (columnas de la derecha, fig. 9A) o tratadas con 0,1 μ M de miPEP171b1 (Fig. 9B y C). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). La sobre expresión del MtmPEP171b1 o la aplicación del miPEP171b1 aumenta la acumulación del pri-MtmR171b (A), del pre-MtmR171b (B) y del MtmR171b (C).

FIGURA 10. Localización del MtmPEP171b1 en las células de las hojas de tabaco que se ha modificado para que expresen el MtmPEP171b1.

Las fotografías representan las células de las hojas de tabaco modificadas para que expresen la proteína GFP solo (cuadro de la derecha) o la proteína GFP fusionada con el MtmPEP171b1 (cuadro de la derecha). Estas observaciones indican que el MtmPEP171b1 está localizado en pequeños cuerpos nucleares.

FIGURA 11. Efectos de la expresión del AtmiPEP165a (identificado en *Arabidopsis thaliana* sobre la expresión del AtmiR165a (A) y de la expresión de AtmiPEP319a2 (identificado en *Arabidopsis thaliana*) sobre el AtmiR319a (B), puesto en evidencia en la planta modelo de tabaco.

(A) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR165a en las plantas de tabaco modificadas para que expresen el AtmiR165a (columna de la izquierda) o para que expresen el AtmiR165a y el AtmiPEP165a (columna de la derecha).

(B) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR319a en las plantas de tabaco modificadas para que expresen el AtmiR319a (columna de la izquierda) o para que expresen el AtmiR319a y el AtmiPEP319a (columna de la derecha).

La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). En los dos casos, se constata que la expresión de la miORF, y por tanto la producción del miPEP, produce un aumento de la acumulación del pre-miR.

FIGURA 12. Efectos del tratamiento con el AtmiPEP165a sobre el crecimiento de las raíces de *Arabidopsis thaliana*.

La fotografía presenta dos plantas de la misma edad: una planta de control (planta de la izquierda) y una planta tratada con el AtmiPEP165a (planta de la derecha). El tratamiento con el AtmiPEP165a produce un fenotipo de crecimiento radical muy acelerado en *Arabidopsis thaliana*. El gráfico muestra la expresión del pre-miR165 en respuesta al tratamiento con dosis crecientes de AtmiPEP165a.

FIGURA 13. Conservación de la secuencia del miPEP8 identificado en la drosófila.

Las secuencias del miPEP8 (SEQ ID NO: 104) se dedujeron a partir de las secuencias de la miORF8 (SEQ ID NO: 208) de 12 especies de drosófila diferentes y se alinearon. Un histograma representa la conservación de cada aminoácido entre las secuencias de la miORF8 en las 12 especies analizadas.

FIGURA 14. Evolución de la masa (kDa) y del punto isoelectrónico (pI) del miPEP8 en las especies de drosófila.

El eje de las ordenadas de la izquierda indica el tamaño del miPEP8 (en kD). El eje de las ordenadas de la derecha indica el punto isoelectrónico del miPEP. El eje de las abscisas indica el origen del miPEP, es decir, la especie de drosófila. Se constata que a pesar de una modificación importante de su tamaño (más de un factor 3), la carga de los miPEP se mantiene muy básica (>9,8) en las 12 especies estudiadas.

FIGURA 15. Efecto de la adición de secuencias sobre la función del miPEP.

Las hojas de tabaco se transformaron para que sobre expresaran el miPEP171b. Estos gráficos muestran que la adición de secuencias (marcador His, HA o GFP) no altera la función del miPEP. El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pre-MtmR171b en las plantas de tabaco que se han transformado para que expresen el MtmR171b (columna de la izquierda), el MtmR171b y el MtmPEP171b1. con o sin la adición de marcadores proteicos (columnas de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 6). Se constata que la expresión del MtmPEP171b1 aumenta la expresión del MtmR171b y este efecto es independiente de la presencia de marcadores.

FIGURA 16. Expresión del MtmPEP171b1 en el sistema radical de *Medicago truncatula*.

Las raíces de *Medicago truncatula* se transformaron para que expresaran fusiones entre la proteína GUS (en azul) y el promotor del miR17b (A, E), el ATG del miPEP171b1 (B, F), el miPEP171b1 completo (C, G) o bien el ATG2 (segundo ATG que se encuentra en el precursor, después del miPEP) (D, H). Se ve bien una expresión del miR en los puntos radicales (A) así como en las raíces laterales (E). Las fusiones transcripcionales (B, F) y traduccionales (C, G) muestran una expresión del miPEP171b en los mismos tejidos, aunque el ATG siguiente no está activo (D, H).

FIGURA 17. Expresión del DmmiPEP8 en las células de *Drosophila melanogaster*

Las células de *Drosophila melanogaster* se transfectaron para que sobre expresaran el DmmiPEP8 (OE miPEP8) o bien el miPEP8 en el que los codones de inicio de la traducción estaban mutados ((OE miPEP8 mut). El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pre-miR8. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de experimentos independientes = 6). Se constata que la expresión del DmmiPEP8 aumenta la expresión del DmmiR8 y este efecto está unido a la traducción del ARNm.

FIGURA 18. Impacto del DmmiPEP8 sobre la acumulación del DmmiR8 en las células de *D. melanogaster*

Las células de *Drosophila melanogaster* se transfectaron para que sobre expresaran el DmmiR8 nativo (OE miR8) o bien el DmmiR8 en el que los codones de inicio de la traducción estaban mutados (OE miR8 miPEP8 mut). El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pre-miR8. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de experimentos independientes = 2). Se constata que la presencia del DmmiPEP8 aumenta la expresión del DmmiR8.

FIGURA 19. Impacto del HsmiPEP155 sobre la acumulación del HsmiR155 en las células de *Homo sapiens*

Las células HeLa de *Homo sapiens* se transfectaron para que sobre expresaran el HsmiPEP155 (OE miPEP155). El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pre-miR155. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de experimentos independientes = 2). Se constata que la expresión del HsmiPEP155 aumenta la expresión del HsmiR155.

FIGURA 20. Efectos de la traducción del MtmiPEP171b1 sobre la expresión del MtmiR171b puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmiR171b en las plantas de tabaco que se han transformado para que expresen el pri-MtmiR171b (columna de la izquierda), un pri-miR171b en el que la miORF171b se ha eliminado (columna del centro) o un pri-miR171b mutado en el que el codón ATG se ha sustituido por ATT (columna de la derecha). El pri-pri-miR171b mutado es por lo tanto incapaz de producir el miPEP171b1. La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). Se constata que la ausencia de la traducción del miPEP171b1 produce una fuerte disminución la acumulación del miR171b.

FIGURA 21. Efectos de la sobre expresión del MtmiPEP171b1 sobre la expresión del MtmiR171b puestos en evidencia en la planta modelo *Nicotiana benthamiana*.

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del MtmiR171b en las plantas de tabaco que se han transformado con un vector que permita la expresión del miPEP171b y que sea un segundo vector vacío (columna blanca), que sea un vector que permita la expresión del mtmiPEP171b (columna negra de la izquierda), que sea un vector en el que el codón de la ORF que codifica el mtmiPEP171b se ha sustituido por ATT (columna negra del centro), que sea un vector en el que la secuencia de nucleótidos de la ORF se ha mutado sin modificar la secuencia de aminoácidos del péptido traducido (miPEP codificado por una ORF degenerada) (columna negra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 30). Se constata que la expresión del MtmiPEP171b1 aumenta la expresión del MtmiR171b y este efecto depende de la traducción de la MtmiORF171b en MtmiPEP171b1.

FIGURA 22. Efectos del AtmiPEP165a sobre la acumulación del AtmiR165a y de sus genes diana (PHAVOLUTA: PHV, PHABOLUSA: PHB y REVOLUTA: REV).

El eje de las ordenadas indica la expresión relativa de AtmiR165a, PHV, PHB y REV en las raíces de *Arabidopsis thaliana* tratadas con agua (control) o diferentes concentraciones de AtmiPEP165a 0,01 μM , 0,1 μM , 1 μM , o 10 μM . La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

El tratamiento de las plantas con concentraciones más y más importantes de AtmiPEP165a pone en evidencia un efecto dependiente de la dosis de la acumulación del AtmiR165a y de la regulación negativa de sus genes diana en función de la cantidad de AtmiPEP165a.

FIGURA 23. Efectos de un tratamiento con el AtmiPEP164a sobre la expresión del AtmiR164a en *A. thaliana*.

Las fotografías representan los resultados de un análisis mediante transferencia de Northern de la acumulación del AtmiR164a en las raíces tratadas con agua (control, fotografía de la izquierda) o con 0,1 μM de un péptido sintético, que tiene una secuencia idéntica a la del AtmiPEP164a, disuelto en agua (0,1 μM miPEP164a). El ARN U6 se utiliza como control de carga que permite cuantificar la cantidad de AtmiR164a.

Este experimento se repitió 4 veces de manera independiente y dio resultados similares.

El tratamiento de los brotes de *A. thaliana* con 0,1 μM de miPEP164a produce un aumento de acumulación del miR164a.

FIGURA 24. Efectos del tratamiento con el AtmiPEP164a sobre el crecimiento de *Arabidopsis thaliana*.

Las fotografías presentan dos plantas (vistas desde arriba y vistas de perfil) después de 3 semanas de crecimiento, una planta de control regada con agua (A), y una planta regada con una composición de 0,1 μM de péptido sintético correspondiente con el AtmiPEP164a (B). El riego de las plantas de *Arabidopsis thaliana* con AtmiPEP164a aumenta significativamente el crecimiento de la planta.

FIGURA 25. Efectos de un tratamiento con el AtmiPEP165a sobre la expresión del AtmiR165a en *A. thaliana*.

Las fotografías representan los resultados de un análisis mediante transferencia de Northern de la acumulación

del AtmiR165a en las raíces tratadas con agua (control, fotografía de la izquierda) o con 0,1 μM de un péptido sintético, que tiene una secuencia idéntica a la del AtmiPEP165a, disuelto en agua (0,1 μM miPEP165a). El ARN U6 se utiliza como control de carga que permite cuantificar la cantidad de AtmiR165a.

Este experimento se repitió 4 veces de manera independiente y dio resultados similares.

El tratamiento de los brotes de *A. thaliana* con 0,1 μM de miPEP165a produce un aumento de acumulación del miR165a.

FIGURA 26. Efectos de la sobre expresión del AtmiPEP319a1 sobre la expresión del AtmiR319a en *A. thaliana*.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR319a en una planta de control (columna de la izquierda) o en una planta en la que se sobre expresa AtmiPEP319a1 (columna de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10). La sobre expresión del AtmiPEP319a1 induce un aumento de la acumulación del AtmiR319a.

FIGURA 27. Efectos del tratamiento con el AtmiPEP319a sobre el crecimiento de *Arabidopsis thaliana*.

Las fotografías presentan dos plantas (vistas desde arriba y vistas de perfil) después de 3 semanas de crecimiento, una planta de control regada con agua (A), y una planta regada con una composición de 0,1 μM de péptido sintético correspondiente con el AtmiPEP319a1 (B). El riego de las plantas de *Arabidopsis thaliana* con AtmiPEP319a1 aumenta significativamente el crecimiento de la planta.

FIGURA 28. Inmunolocalización.

Las raíces de *Medicago truncatula* se transformaron para que expresaran fusiones entre la proteína GUS (en azul) y el ATG del miPEP171b (Pro_{miR171b}-ATG1:GUS) o bien el ATG2 (segundo ATG que se encuentra en el precursor, después del miPEP) (Pro_{miR171b}-ATG2:GUS). Se realizó igualmente un marcaje con un anticuerpo anti-miPEP171b (miPEP171b). La inmunolocalización del miPEP171b en las raíces de *M. truncatula* revelan la presencia del miPEP171b en los sitios de inicio de las raíces laterales, mostrando una co-localización entre el microARN y el miPEP correspondiente.

FIGURA 29. Efectos de la sobre expresión del AtmiPEP160b1 sobre la expresión del AtmiR160b en *A. thaliana*.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR160b en una planta de control (barra de la izquierda) o en una planta en la que se sobre expresa AtmiPEP160b1 (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La sobre expresión del AtmiPEP160b1 produce un aumento de la expresión relativa del AtmiR160b.

FIGURA 30. Efectos del AtmiPEP164a1 sobre la expresión del pri-AtmiR164a.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR164a en una planta de control (barra de la izquierda) o en una planta tratada por riego 1 vez al día con el AtmiPEP164a1 a 0,1 μM (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La adición de AtmiPEP164a1 produce un aumento de la expresión relativa del AtmiR164a.

FIGURA 31. Efectos de la sobre expresión del AtmiPEP319a1 sobre la expresión del AtmiR319a en *A. thaliana*.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del AtmiR319a en una planta de control (barra de la izquierda) o en una planta en la que se sobre expresa AtmiPEP319a1 (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La sobre expresión del AtmiPEP319a1 produce un aumento de la expresión relativa del AtmiR319a.

FIGURA 32. Efectos de la sobre expresión del MtmPEP169d sobre la expresión del MtmR169d en *M. truncatula*.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del MtmR169d en una planta de control (barra de la izquierda) o en una planta tratada por riego 1 vez al día con el MtmPEP169d a 0,1 μM (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La adición de MtmPEP169d produce un aumento de la expresión relativa del MtmR169d.

FIGURA 33. Efectos de la sobre expresión del MtmPEP171e sobre la expresión del MtmR171e en *M. truncatula*.

El eje de ordenadas indica la expresión relativa del MtmR171e en una planta de control (barra de la izquierda) o en una planta en la que se sobre expresa MtmPEP171e (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La sobre expresión del MtmPEP171e produce un aumento de la expresión relativa del MtmR171e.

FIGURA 34. Localización del MtmPEP171b1 en una planta de *M. truncatula* silvestre.

Se analizaron diferentes cantidades de péptidos sintéticos MtmPEP171b1 (1, 0,5, o 0,1 nmol) y un extracto total de raíces de *M. truncatula* por inmunotransferencia con un anticuerpo específico del MtmPEP171b1.

El MtmPEP171b1 se produce naturalmente en las raíces de *M. truncatula*.

FIGURA 35. Presencia del AtmiPEP165a en una planta de *A. thaliana* silvestre.

La fotografía de arriba corresponde a un análisis por transferencia de western de la cantidad de AtmiPEP165a en una planta joven de *A. thaliana* silvestre Col-0 (izquierda) y una planta joven de *A. thaliana* que sobre expresa AtmiPEP165a (derecha).

La fotografía de abajo corresponde al análisis por transferencia de western de la cantidad de una proteína de control, la tubulina, en una planta joven de *A. thaliana* silvestre Col-0 (izquierda) y una planta joven de *A. thaliana* que sobre expresa AtmiPEP165a (derecha).

El AtmiPEP165a se produce naturalmente en *A. thaliana* y está presente en mayor cantidad en las plantas que sobre expresan AtmiPEP165a.

FIGURA 36. Modo de acción del AtmiPEP165a en *A. thaliana*.

(A) El eje de ordenadas indica la expresión relativa del miR165a en las raíces de control (barra de la izquierda) o tratadas por riego 1 vez al día con el AtmiPEP165a a 10 μ M (barra de la derecha). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 10).

La adición de AtmiPEP165a produce un aumento de la expresión relativa del AtmiR165a.

(B) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pri-miR165a, en presencia de cordicepina (inhibidor de la síntesis de ARN), en las raíces de control (curva gris) o tratadas por riego 1 vez al día con el AtmiPEP165a a 10 μ M (curva negra). El eje de abscisas indica la duración del tratamiento con cordicepina. La adición de AtmiPEP165a no produce una mayor estabilidad del pri-miR165a.

(C) El eje de las ordenadas indica la expresión relativa del pri-miR165a, en las plantas silvestres (Col-0) o mutadas con un alelo débil de la segunda subunidad grande de la ARN polimerasa II (*nrbp2-3*). El eje de abscisas indica si las plantas se han regado con agua o con el AtmiPEP165a a 10 μ M.

Las plantas mutadas, contrariamente a las plantas silvestres, no son capaces de acumular el AtmiR165a en respuesta al AtmiPEP165a.

FIGURA 37. Efectos del pri-miR171b sobre el número de raíces laterales en *M. truncatula*.

El eje de ordenadas indica el número medio de raíces laterales observados en una planta de control (barra blanca) o en una planta en la que se sobre expresa pri-miR171b (barra negra). La barra de error se corresponde con el error típico de la media (número de individuos = 100).

La sobre expresión del pri-miR171b produce una reducción del número de raíces laterales.

FIGURA 38. Posibilidad de traducción del DmmiPEP8 en las células de *Drosophila melanogaster*.

Las células de *Drosophila melanogaster* se transfectaron para que sobre expresaran el DmmiPEP8 (miPEP8::GF) o bien el DmmiPEP8 mt (en el que los codones de inicio de la traducción estaban mutados(miPEP8 mt::GFP)). Como control de la transfección, se cotransfectó un plásmido que producía la proteína moesina-RFP (imágenes de abajo) con los plásmidos codificantes de los DmmiPEP8 (imagen de la izquierda) y DmmiPEP8 mt (imagen de la derecha). Se constata que los codones de inicio presentes en la secuencia de DmmiPEP8 son funcionales ya que permiten la síntesis de la GFP (imagen de arriba a la izquierda) mientras que las construcciones mutadas en los ATG no producen casi nada de GFP (imagen de arriba a la derecha).

Estos resultados sugieren por tanto que la ORF del miPEP es funcional.

Ejemplos

A: Análisis de los miPEP en las plantas

Ejemplo 1 - Caracterización en la planta modelo *Medicago truncatula*

Ejemplo 1A - MtmPEP171b1

a) Identificación y caracterización del MtmPEP171b1 (miPEP171b1 identificado en *Medicago truncatula*)

El microARN MtmIR171b se expresa en la región meristemática de las raíces. La sobre expresión de este microARN conduce principalmente a una reducción de la expresión de los genes *HAM1* (nº de acceso MtGI9-TC114268) y *HAM2* (nº de acceso MtGI9-TC120850) (Figura 1A), así como una reducción del número de raíces laterales (Figura 1B). La sobre expresión del pri-miR171b produce igualmente una reducción del número de raíces laterales (Figura 37).

La secuencia de la transcripción primaria del MtmIR171b se determinó utilizando la técnica RACE-PCR. El análisis de la secuencia de la transcripción primaria ha permitido identificar la presencia de varias pequeñas fases de lectura abierta (ORF) completamente inesperadas. Estas ORF se han denominado miORF por "ORF de microARN". Estas miORF codifican potencialmente péptidos cortos, de aproximadamente 4 a 100 aminoácidos. No se ha encontrado ninguna homología significativa respecto a estas miORF en las bases de datos.

La sobre expresión de la primera miORF, llamada MtmORF171b, da lugar a un aumento de la acumulación del MtmIR171b y una reducción de la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2* (ver Figura 2A), así como una reducción del número de raíces laterales (Figura 2B), como la que se había observado cuando la sobre expresión del MtmIR171b.

Para determinar si la MtmORF171b da lugar a la producción real de un péptido y si la función de regulación observada

anteriormente se lleva a cabo por dicho péptido, se aplicó un péptido sintético, en el que la secuencia era idéntica a la codificada potencialmente por la MtmORF171b, se aplicó en las raíces del *Medicago truncatula*. La aplicación de este péptido produce el fenotipo ya observado anteriormente con la sobre expresión del MtmORF171b, es decir, que produce un aumento de la acumulación del MtmR171b y una reducción de la expresión de los genes *HAM1* y *HAM2* (ver Figura 3A), así como una reducción del número de raíces laterales (Figura 3B).

Los resultados de estos experimentos demuestran que la MtmORF171b codifica un péptido capaz de modular la acumulación del MtmR171b y la expresión de genes diana del MtmR171b: *HAM1* y *HAM2*. Dicho péptido se denominó MtmPEP171b1 ("miPEP" correspondiente a un *PÉPTIDO codificado por un microARN*).

Por otra parte, el MtmPEP171b1 produce un aumento de la acumulación del MtmR171b (Figura 4A) y del pre-MtmR171b (Figura 4B).

b) Especificidad del miPEP171b1

Se determinó y comparó la expresión de diferentes microARN de *Medicago truncatula* (MtmR171b SEQ ID NO: 319, MtmR169 (SEQ ID NO: 367, MtmR169a (SEQ ID NO: 368, MtmR171a (SEQ ID NO: 369, MtmR171h (SEQ ID NO: 370, MtmR393a (SEQ ID NO: 371, MtmR393b (SEQ ID NO: 372, MtmR396a (SEQ ID NO: 373 y MtmR396b (SEQ ID NO: 374) entre plantas de control y plantas en las que se sobre expresa la MtmORF171b que codifica el MtmPEP171b1 (Figura 5A), o entre plantas de control y plantas cultivadas en un medio de cultivo que contenía el MtmPEP171b1 (Figura 5B).

Los resultados obtenidos indican que el MtmPEP171b1 solo produce un aumento de la acumulación del MtmR171b y no en otros miR, lo que indica que un miPEP solo tiene efecto sobre el microARN del que procede.

c) Localización del miPEP171b1

Por otra parte, La inmunolocalización del miPEP171b1 en las raíces de *M. truncatula* revelan la presencia del miPEP171b1 en los sitios de inicio de las raíces laterales, mostrando una co-localización entre el microARN y el miPEP correspondiente (Figuras 28 y 34).

Ejemplo 1B - MtmPEP169d

En referencia al MtmPEP169d, se ha demostrado *in vivo* en *M. truncatula* que la adición de MtmPEP169d produce una acumulación del MtmR169d (Figura 32).

Ejemplo 1C - MtmPEP171e

En referencia al MtmPEP171e, se ha demostrado *in vivo* en *M. truncatula* que la sobre expresión de este miPEP produce una acumulación del MtmR171e (Figura 33).

Ejemplo 2 - Caracterización en la planta modelo del tabaco

a) Conservación del mecanismo en el tabaco

Para determinar si el mecanismo de regulación de los microARN se conserva en otras especies de plantas, se ensayó la regulación del MtmR171b por el MtmPEP171b1 en un modelo celular diferente. Para esto, se introdujeron el MtmR171b y el MtmPEP171b1 en las hojas de tabaco.

La acumulación del MtmR171b se midió en las hojas de tabaco transformadas para que expresen el MtmR171b de *Medicago truncatula* a partir del pri-miR silvestre capaz de producir el MtmPEP171b1 o a partir de una versión mutada del pri-miR incapaz de producir el MtmPEP171b1 (en la que el codón de inicio ATG de la MtmORF171b se ha sustituido por ATT) (Figura 6 y Figura 20). La ausencia de traducción del MtmPEP171b1 da lugar a una fuerte disminución de la acumulación del MtmR171b.

La acumulación del pre-MtmR171b se ha medido en las hojas de tabaco transformadas para que expresen el MtmR171b de *Medicago truncatula* solo (control), o que expresen además la MtmORF171b silvestre de *Medicago truncatula* (35SmiPEP171b1 ATG), o una versión mutada de MtmORF171b en la que el codón de inicio ATG se ha sustituido por ATT (35SmiPEP171b1 ATT) (Figura 7 y Figura 21). La expresión de MtmORF171b produce un aumento de la acumulación del pre-miR171b, y esta acumulación del pre-miR171b depende de la traducción de la MtmORF171b en micropéptido.

Igualmente, en las hojas de tabaco transformadas para que expresen el MtmR171b de *Medicago truncatula*, tratadas o no por pulverización con el MtmPEP171b1 (0,1 μ M) una primera vez 12h antes de la toma de muestras y luego una segunda vez 30 minutos antes de la toma de muestras, se ha observado que el MtmPEP171b1 puede utilizarse directamente en forma de péptido por medio de pulverizaciones foliares (Figura 8).

Por otra parte, se ha observado en el tabaco (como en *Medicago truncatula*) que el MtmPEP171b1 produce un aumento de la acumulación de mtmR171b (Figura 9A)

y del MtmiR171b (Figura 9B), pero disminuye la acumulación del pri-MtmiR171b (Figura 9C).

El conjunto de estos resultados indica que el mecanismo de regulación de los microARN y de sus genes diana bajo el control de los miPEP está conservado entre especies.

b) Localización intracelular del MtmiPEP171b1

- 5 Las hojas de tabaco se transformaron para que sobre expresaran el MtmiPEP171b1 de *Medicago truncatula* fusionado con una proteína fluorescente (GFP) (Figura 10). Los resultados obtenidos indican que el miPEP está localizado en pequeños cuerpos nucleares.

c) Identificación de los miPEP a partir de bases de datos

- 10 A partir de las bases de datos genómicas de plantas, se ha investigado la presencia de fases de lectura abierta en el seno de las transcripciones primarias de 70 miR, los inventores han identificado 101 miORF susceptibles de codificar un miPEP.

- 15 A día de hoy, los AtmiPEP165a y AtmiPEP319a2, identificados en *Arabidopsis thaliana*, ya se han caracterizado. Los experimentos realizados en la planta modelo de tabaco han permitido demostrar que la sobre expresión de AtmiORF165a o de AtmiORF319a produce respectivamente un aumento de la acumulación de AtmiR165a o del AtmiR319a (Figura 11).

el miR165a regula factores de transcripción como *Revoluta*, *Phavoluta* et *Phabulosa*. El miR319 regula genes de la familia TCP.

Ejemplo 3 - Caracterización en la planta modelo *Arabidopsis thaliana*

Ejemplo 3A - AtmiPEP165a

- 20 En referencia al AtmiPEP165a, Se ha demostrado *in vivo* en *Arabidopsis thaliana* que el tratamiento con el AtmiPEP165a produce un fenotipo de crecimiento radical muy acelerado (Figura 12).

- 25 Por otra parte, el tratamiento de las plantas con concentraciones más y más importantes de miPEP165a indica un efecto dependiente de la dosis de la acumulación del miR165a y de la regulación negativa de sus genes diana (PHAVOLUTA: *PHV*, PHABOLUSA: *PHB* y REVOLUTA: *REV*) en función de la cantidad de miPEP165A (véase la Figura 22).

Ejemplo 3B - AtmiPEP164a

En referencia al AtmiPEP164a, se ha sintetizado y se ha utilizado para investigar un aumento de la acumulación del miR164a en las raíces de *A. thaliana* tratadas con el péptido sintético.

- 30 Los análisis por transferencia de Northern indican que el tratamiento de la planta con el péptido miPEP164a produce un aumento de la acumulación del miR164a (Figura 23).

El mismo tipo de resultados se obtuvo por qRT-PCR (Figura 30).

Igualmente se ha demostrado *in vivo* en *Arabidopsis thaliana* que el tratamiento de la planta con el AtmiPEP164a aumenta significativamente el crecimiento de la planta (Figura 24).

Ejemplo 3C - AtmiPEP165a

- 35 En referencia al AtmiPEP165a, se ha sintetizado y se ha utilizado para investigar un aumento de la acumulación del miR165a en las raíces de *A. thaliana* tratadas con el péptido sintético.

Los análisis por transferencia de Northern indican que el tratamiento de la planta con el péptido miPEP165a produce un aumento de la acumulación del miR165a (Figura 25).

- 40 Por otra parte, para determinar el modo de acción de los miPEP con respecto a la acumulación de sus propios miR, la expresión del pri-miR165a se ha analizado en plantas silvestres y en plantas transformadas para que sobre expresen el miPEP165a (Figura 35).

La expresión del pri-miR165a está favorecida en las plantas que sobre expresan el miPEP165a (Figura 36A).

- 45 En presencia de cordicepina, un inhibidor de la síntesis de ARN, la cantidad de pri-miR165a es idéntica en las plantas silvestres y en las plantas transformadas (Figura 36B), lo que indica que el miPEP165a no actúa como un estabilizador del ARN, sino más bien como un activador transcripcional del pri-miR165a.

Además, la expresión del pri-miR165a se analizó en plantas silvestres (Col-0) y en las plantas mutadas con un alelo débil de la segunda subunidad grande de la ARN polimerasa II (plantas *nrb2-3*). Los resultados obtenidos indican

que las plantas mutadas no presentan un aumento de la acumulación del pri-miR165 en respuesta al miPEP165a, contrariamente a las plantas silvestres. Esto parece indicar que el miPEP actúa como un regulador transcripcional.

Ejemplo 3D - AtmiPEP319a1

5 En referencia al AtmiPEP319a1, se ha sintetizado y se ha utilizado para investigar un aumento de la acumulación del miR319a en las raíces de *A. thaliana* tratadas con el péptido sintético.

Los análisis por qRT-PCR indican que la sobre expresión del AtmiPEP319a1 produce un aumento de la acumulación del miR319a (Figuras 26 y 31).

Igualmente se ha demostrado *in vivo* en *Arabidopsis thaliana* que el tratamiento de la planta con el AtmiPEP319a1 aumenta significativamente el crecimiento de la planta (Figura 27).

Ejemplo 3E - AtmiPEP160b1

En referencia al AtmiPEP160b1, se ha demostrado *in vivo* en *A. thaliana* que la sobre expresión de este miPEP produce una acumulación del AtmiR160b (Figura 29).

Materiales y procedimientos

Material biológico

15 La superficie de granos de *M. truncatula* se esterilizaron y se dejaron germinar sobre placas de agar durante 5 días a 4 °C en oscuridad. Las plántulas se cultivaron enseguida sobre placas cuadradas de 12 cm rellenas de medio de Fahraeus sin nitrógeno y que contenían fosfato 7,5 µM (Lauresergues y col., Plant J., 72(3):512-22, 2012). Se hizo el recuento de las raíces laterales cada día. En los tiestos, las plantas se regaron cada dos días con medio Long Ashton modificado que contenía poco fósforo (Balzergue y col., Journal of experimental botany, (62):1049-1060, 2011).

20 Los péptidos se sintetizaron en Eurogentec o Smartox-Biotech. El MtmPEP171b1 se dejó en suspensión en una solución de agua, un 40% de acetonitrilo, un 50% de ácido acético, un 10% (v/v/v), y otros péptidos se dejaron en suspensión en agua.

El riego de las hojas por pulverización con los péptidos se realizó utilizando las soluciones de péptidos a diferentes concentraciones (0,01, 0,1, 1 µM), una primera vez 12h antes de la toma de muestras y luego una segunda vez 30 min antes de la toma de muestras.

Transcripción inversa de los microARN

30 El ARN se extrajo utilizando el reactivo Tri-Reagent (MRC) según las instrucciones del fabricante, a excepción de la precipitación del ARN que se llevó a cabo con 3 volúmenes de etanol. La transcripción inversa del ARN se llevó a cabo utilizando el cebador específico RTprimer171b en tallo lazo en combinación con hexámeros para efectuar la transcripción inversa del ARN de alto peso molecular.

En resumen, se añadió 1 µg de ARN al cebador en tallo lazo MIR171b (0,2 µM), el hexámero (500 ng), el tampón RT (IX), la enzima transcriptasa inversa SuperScript (SSIII) (una unidad), los dNTP (0,2 mM de cada), el DDT (0,8 mM) en una mezcla de reacción final de 25 µl. Para efectuar la transcripción inversa, se llevó a cabo una reacción de transcripción inversa pulsada (40 repeticiones del siguiente ciclo: 16 °C durante 2 minutos, 42 °C durante un minuto y 50 °C durante un segundo, seguidos por una inactivación final de la transcripción inversa a 85 °C durante 5 minutos).

Análisis por RT-PCR cuantitativa (qRT-PCR)

40 El ARN total de las raíces de *M. truncatula* o de las hojas de tabaco se extrajeron utilizando el kit de extracción RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). La transcripción inversa se realizó utilizando la transcriptasa inversa SuperScript II (Invitrogen) a partir de 500 ng de ARN total. Se realizaron tres repeticiones (n=3) con dos repeticiones técnicas cada una. Cada experimento se repitió de dos a tres veces. Las amplificaciones por qPCR se realizaron utilizando un termociclador LightCycler 480 System (Roche Diagnostics) según el procedimiento descrito en Lauresergues y col. (Plant J., 72(3):512-22, 2012).

Análisis estadísticos

45 Los valores medios de la expresión relativa de los genes o de la producción de raíces laterales se analizaron utilizando el ensayo de Student o el ensayo de Kruskal-Wallis. Las barras de error representan la desviación típica de la media (SEM, Error Típico de la Media). Los asteriscos indican una diferencia significativa (p<0,05).

Construcciones plasmídicas

50 Los fragmentos de ADN de interés se amplificaron con la polimerasa Pfu (Promega). Los fragmentos de ADN se clonaron con ayuda de las enzimas XhoI y NotI en un plásmido pPEX-DsRED para la sobre expresión bajo el control del promotor fuerte constitutivo 35S, y la ayuda de las enzimas KpnI-NcoI en un plásmido pPEX GUS para los genes

indicadores, según el procedimiento descrito en Combier y col. (Genes & Dev, 22: 1549-1559, 2008).

Para los miPEP 165a y 319a, las miORF correspondientes se clonaron en el pBIN19 según el procedimiento descrito en Combier y col. (Genes & Dev, 22: 1549-1559, 2008).

Transformación de las plantas

- 5 Las plantas compuestas poseen raíces transformadas con *Agrobacterium rhizogenes* se obtuvieron por el procedimiento descrito en Boisson-Dernier y col. (Mol Plant-Microbe Interact, 18:1269-1276, 2005). Las raíces transformadas se verificaron y seleccionaron mediante la observación del DsRED con una lupa binocular fluorescente. Las raíces de control que se corresponden con las raíces transformadas con *A. Rhizogenes* no contenían el vector pPEXDsRED. La transformación de las hojas de tabaco se llevó a cabo según el procedimiento descrito en Combier y col. (Genes & Dev, 22: 1549-1559, 2008).

Transferencia de Northern

El análisis por transferencia de Northern se llevó a cabo según el protocolo descrito por Lauressergues y col. Plant J, 72(3):512-22, 2012.

- 15 Las muestras biológicas se homogeneizaron en un tampón que contenía 0,1 M de NaCl, un 2 % de SDS, 50 mM de Tris-HCl (pH 9), 10 mM de EDTA (pH 8) y 20 mM de mercaptoetanol, y se extrajo el ARN 2 veces con una mezcla de fenol/cloroformo y se precipitó en etanol.

El ARN se cargó sobre gel PAGE al 15% y se transfirió sobre una membrana de nylon (HybondNX, Amersham). El ARN se hibridó con una sonda de oligonucleótidos, se marcó de manera radioactiva en su extremidad, para detectar el ARN U6 o para el miR164a.

- 20 Las hibridaciones se llevaron a cabo a 55 °C. Las señales de hibridación se cuantificaron utilizando un phosphorimager (Fuji) y se normalizaron con la señal de la sonda específica del ARN U6.

Estabilidad del ARN

- 25 Para cada condición, las plantas con una edad de 2 semanas y cultivadas verticalmente sobre medio MS sólido se transfirieron en placas de 6 pocillos que contenían 1 ml de medio MS líquido. Después de 16 horas de incubación con 1 mM de miPEP, las plantas se trataron con 100 µg/ml de cordicepina o con agua (utilizada como control), y se recolectaron a diferentes momentos para extraer y cuantificar el ARN. Cada experimento se llevó a cabo 3 veces.

Marcado histoquímico

El marcado con GUS se llevó a cabo según el procedimiento descrito en Combier y col., (Genes & Dev, 22: 1549-1559, 2008). Las muestras se observaron con un microscopio (axiozoom).

Inmunolocalización

- 35 Las raíces o las plántulas de tejido de Medicago se fijaron durante 2 horas en un 4 % de formol (v/v) con 50 mM de tampón de fosfato (pH 7,2), y después se incluyeron en agarosa LMP al 5 % en agua (por debajo del punto de fusión). Se obtuvieron cortes finos (100 µm) y se colocaron en Pbi (tampón de fosfato para inmunología) sobre láminas revestidas de teflón, se bloquearon en Pbi, un 2 % de Tween y un 1 % de albúmina sérica bovina durante 2 horas (PbiTBSA), y después se marcaron durante una noche (12 h) a 4 °C con el anticuerpo primario diluido en BSA-PbiT. Los cortes se lavaron con pBiT y se incubaron a temperatura ambiente durante 2 h con un anticuerpo secundario diluido en PbiT-BSA. Las láminas se lavaron a continuación en Pbi durante 30 min y se montaron en un citifluor (medio de montaje). Los anticuerpos primarios y las diluciones eran los siguientes: 1716a (1:500, v/v). El anticuerpo secundario era un anticuerpo de cabra anti-IgG de conejo acoplado a la sonda fluorescente Alexa Fluor 633 (Molecular Probes), y se utilizó a una dilución de 1:1000 (v/v).

Transferencia de Western

- 45 Se obtuvo un extracto total de proteínas según el procedimiento descrito en Combier y col., (Genes & Dev, 22: 1549-1559, 2008) y se separó por SDS-PAGE. La transferencia se llevó a cabo en un tampón de fosfato durante una noche a 4 °C, a 15V, y después se incubó la membrana durante 45 min a temperatura ambiente en una solución de glutaraldehído al 0,2 % (v/v). Los anticuerpos primarios se utilizaron a una dilución de 1: 1000 (v/v) y los anticuerpos de cabra anti-IgG de conejo conjugados con HRP se utilizaron como anticuerpos secundarios a una dilución de 1: 40.000 (v/v).

Tabla 8. Lista de cebadores

AtmiR160bq5 (SEQ ID NO: 429)	TCCCCAAATTCTTGACCAAA
AtmiR160bq3 (SEQ ID NO: 430)	TTGAGGGGAAAACATGAACC

AtmiR164aq5 (SEQ ID NO: 431)	ACGAAATCCGTCTCATTTGC
AtmiR164aq3 (SEQ ID NO: 432)	GGGTGAAGAGCTCATGTTGG
AtmiR165q5 (SEQ ID NO: 433)	TGAGGGGAATGTTGTCTGG
AtmiR165q3 (SEQ ID NO: 434)	GAAGCCTGGTCCGAGGATA
AtmiR319q5 (SEQ ID NO: 435)	CGAGTCGCCAAAATTCAAAC
AtmiR319q3 (SEQ ID NO: 436)	GCTCCCTTCAGTCCAATCAA
AtPHVq5 (SEQ ID NO: 437)	GCAACTGCAGTGGAATAGCA
AtPHVq3 (SEQ ID NO: 438)	GCGACCTTCATGGGTTCTAA
AtPHBq5 (SEQ ID NO: 439)	CTCAGCATCAGCAACGTGAT
AtPHBq3 (SEQ ID NO: 440)	AACTCTGCTAGGGCCTCCTC
AtREVq5 (SEQ ID NO: 441)	TCACAACTCCTCAGCATTGG
AtREVq3 (SEQ ID NO: 442)	ACCCAATCAACAGCAGTTCC
Atactine2F (SEQ ID NO: 443)	GGTAACATTGTGCTCAGTGG
Atactine2R (SEQ ID NO: 444)	CTCGGCCTTGAGATCCACA
miORF319acla5 (SEQ ID NO: 445)	tcatcgATGAATATACATACATACCATCAT
miORF319abam3 (SEQ ID NO: 446)	tccgatccTCTAAAAGCTAAAGTGATTCTA AA
AtmiR319cla5 (SEQ ID NO: 447)	tcatcgAGAGAGAGCTTCCTTGAGTC
AtmiR319bam3 (SEQ ID NO: 448)	tccgatccAGAGGGAGCTCCCTTCAGT
AtmiR165cla5 (SEQ ID NO: 449)	tcatcgGTTGAGGGGAATGTTGTCTG
AtmiR165bam3 (SEQ ID NO: 450)	tccgatccGTTGGGGGGGATGAAGCC
AtmiR165muorf5cla (SEQ ID NO: 451)	tcatcgATGAGGGTTAAGCTATTTTCAGT
AtmiR165muorf3bam (SEQ ID NO: 452)	tccgatccTAATATCCTCGATCCAGACAAC
miR171bq5 (SEQ ID NO: 453)	CGCCTCAATTTGAATACATGG
miR171bq3 (SEQ ID NO: 454)	ACGCGGCTCAATCAAACACTAC
pre-miR171bq5 (SEQ ID NO: 455)	GCACTAGCTGGTTTTATTATTCC
pre-miR171bq3 (SEQ ID NO: 456)	TTGCAAAATTTGGAGAGCCTA
miR171eq5 (SEQ ID NO: 457)	AAGCGATGTTGGTGAGGTTC
miR171eq3 (SEQ ID NO: 458)	CGGCTCAATCTGAGATCGTAT
miR169dq5 (SEQ ID NO: 459)	GGGCGGTGAGATTAACAAAA
miR169dq3 (SEQ ID NO: 460)	CCTGCCGGAAATGAAACTAA
miORF171e2Cla5 (SEQ ID NO: 461)	tcatcgATGATGGTGTGTTGGGAAGCC
miORF171e2bam3 (SEQ ID NO: 462)	tccgatccTACATGTAAATCCGTCTTCGG
miORF171b5'AGG (SEQ ID NO: 463)	AGGCTTCTTCATAGGCTCTCC
miR171e5'Xho (SEQ ID NO: 464)	TCAGTCCGCTCGAGGAATAAGTGAATAT TATCGATATTT

(continuación)

miR171e3'Not (SEQ ID NO: 465)	AAGGAAAAAAGCGGCCGCAAAGTGATA TTGGCGCGGCT
171b desordenado F bis (SEQ ID NO: 466)	<u>TAGCATGTTATTACACCGCTTAAGTAAG</u> TTCTGTAAGATAGAGCGCGATATTGTTT ACATTAGCTAG
171b desordenado R bis (SEQ ID NO: 467)	<u>CGTACTAGCTAATGTAAACAATATCGCG</u> CTCTATCTTACAGAACTTACTTAAGCGG TGTAATAACAT
PromiORF171b1 ATG BsalR (SEQ ID NO: 468)	aaaaGGTCTCgCCATAAGCATAGTGGAAT AATGAAACC
PromiORF171b2 ATG BsalR (SEQ ID NO: 469)	aaaaGGTCTCgCCATTTCCATACCTGAATT TCTCCTT
PromiORF171b6 ATG Bsal R (SEQ ID NO: 470)	aaaaGGTCTCgCCATCTTCATCCTCAATAT CCTAATTC
171b de fusión con GFP sin ATG Bsal R (SEQ ID NO: 471)	aGGTCTCgACACAGATATATATACTATGT CTCTTTCAATTTTGC
Pro171b de fusión con Transcripción GUSpPEX Bsal R (SEQ ID NO: 472)	aaaGGTCTCgCCATGACCATTTTCCCACG AATATG
Pro171b de fusión con ATG1 GUSpPEX sin ATG Bsal R (SEQ ID NO: 473)	aaGGTCTCgACACAAGCATAGTGGAATA ATGAAACC
Pro171b de fusión con Traduc GUSpPEX Bsal R (SEQ ID NO: 474)	aaGGTCTCgACACAGATATATATACTATG TCTCTTTCA
171b NcoI F (SEQ ID NO: 475)	Gaattcctgcccatggtttcg
171b NcoI R (SEQ ID NO: 476)	Cgaaaaccatgggcaggaattc
171b AflII F (SEQ ID NO: 477)	cagtcccgacttaagctcaatac
171b AflII R (SEQ ID NO: 478)	gtattgagcttaagtcgggactg
171b genómico Bsal F (SEQ ID NO: 479)	aaaGGTCTC C TAGC TTGGTCAAACATACATACAGTAGCACTA G
171b genómico Bsal R (SEQ ID NO: 480)	aaaGGTCTCgCGTAAAATTGTACTGATTG AATGTAAATTGGTACAC
AthmiORF160b F (SEQ ID NO: 481)	TAGCATGTTTTCCCTCAATGA
AthmiORF160b R (SEQ ID NO: 482)	cgtaTCATTGAGGGGAAAACAT
AthMIR160b Bsal F (SEQ ID NO: 483)	aaaGGTCTCcTAGCACTCATAACTCTCCCC AAATTC
AthMIR160b Bsal R (SEQ ID NO: 484)	aaaGGTCTCgCGTAGAAAGAATGTTCGAA AAACAATG
pro 165a Bsal F (SEQ ID NO: 485)	aGGTCTCCAAATcatgaagcaggcagtaataacct
165a muORF tagHA Bsal R (SEQ ID NO: 486)	aGGTCTCgCGTActaAGCGTAATCTGGAAC ATCGTATGGGTAtaatatcctcgatccagacaac
165a de fusión con transcripción Bsal R (SEQ ID NO: 487)	aGGTCTCgccatagtggcggagacgaagatg
165a de fusión con traduc Bsal R (SEQ ID NO: 488)	aGGTCTCgccattaatatcctcgatccagacaac
pro 165a Bsal F (SEQ ID NO: 489)	aGGTCTCCAAATtaaactgtcagtgcgatgatgt

(continuación)

165a de fusión con GTG Bsal R (SEQ ID NO: 490)	aGGTCTCgACACattcacaaattttgttagagag
165a de fusión con GTGmutGTT Bsal R (SEQ ID NO: 491)	aGGTCTCgACACattaacaaattttgttagagag
165a de fusión con CTG Bsal R (SEQ ID NO: 492)	aGGTCTCgACACtagcagattcacaaattttgtg
165a de fusión con ATG Bsal R (SEQ ID NO: 493)	aGGTCTCgACACcctcatgataatcgatcttagca

B: Análisis de los miPEP en los animales**Ejemplo 4 - Identificación de miPEP candidatos en la drosófila**a) Identificación de miPEP candidatos

5 Un primer estudio realizado por RACE-PCR en el modelo animal *Drosophila melanogaster* muestra la existencia de miR que se expresan a lo largo de la embriogénesis, miR1 y miR8.

Como en las plantas, se ha identificado miORF en cada uno de los dos miR estudiados. Por ejemplo, el miR8, conocido por su papel en la regulación del crecimiento de insectos, presenta una miORF que potencialmente codifica el miPEP8.

El DmmiR1 (identificado en *Drosophila melanogaster*) presenta por su parte dos DmmiORF que potencialmente codifican el DmmiPEP1a y el DmmiPEP1b.

10 Un análisis filogenético muestra la conservación evolutiva de la presencia de las miORF a través de una docena de especies de drosófila analizadas, es decir desde su divergencia hace más de 60 millones de años (Figura 13).

Los miPEP identificados en la drosófila presentan además muchas similitudes con los miPEP de plantas. Si su secuencia primaria y por tanto su tamaño evolucionan rápidamente entre especies, se encuentra un tamaño reducido (de 32 a 104 aa), así como una fuerte conservación por una carga global básica (pHi de 9,5 a 12) (Figura 14).

15 El conjunto de estos resultados indica por tanto la existencia de miPEP reguladores, codificados por las transcripciones primarias de los microARN, a través de un gran intervalo de especies eucariotas. Estos péptidos descubiertos representan un depósito aún sin explorar de moléculas naturales, susceptibles de regular una variedad de funciones biológicas fundamentales, también tanto en los vegetales como en los animales.

b) Expresión de los miPEP

20 Unas células de *Drosophila melanogaster* se transfectaron para que sobre expresaran el DmmiPEP8 (a partir de la SEQ ID NO: 494) o bien el DmmiPEP8 mt en el que los codones de inicio de la traducción se han mutado (a partir de la secuencia SEQ ID NO: 495). Como control de la transfección, se cotransfectó un plásmido que producía la proteína moesina-RFP con los plásmidos codificantes de los DmmiPEP8 y DmmiPEP8 mt. Se constata que los codones de inicio presentes en la secuencia de DmmiPEP8 son funcionales ya que permiten la síntesis de una proteína de fusión

25 miPEP-GFP visualizada por la GFP mientras que las construcciones mutadas en los ATG no producen casi nada de GFP.

Estos resultados sugieren por tanto que la ORF del miPEP es funcional (Figura 38).

Materiales y procedimientosCélulas de *Drosophila melanogaster*

30 Las células S2 se cultivan en un matraz T75 en 12 ml de medio de Schneider (GIBCO), que contenía un 1 % de penicilina, 100U/ml de estreptavidina a 100 mg/ml (Sigma) y un 10 % de suero bovino fetal sin complemento (30' a 56 °C).

35 Se llevan a cabo transfecciones transitorias con la ayuda de un kit de transfección FuGENE® HD (Roche), según sus recomendaciones. Clásicamente, se transfectaron 1,5 millones de células S2, previamente sembradas en placas de 6 pocillos (3 ml de medio por pocillo), con 250 ng de ADN plasmídico total. El ADN se pone en contacto con el Eugene (3 µl) en 100 µl de OPTIMEM (GIBCO). Después de 20 minutos, el reactivo de transfección se pone en contacto con las células en el medio de cultivo. El ARN de las células se extrae 66h después de la transfección.

Clonación de los fragmentos codificantes de DmmiPEP8 y DmmiPEP8. mutado

40 Los fragmentos de ADN correspondientes a las secuencias del DmmiPEP8 (SEQ ID NO: 494) y del DmmiPEP8 mutado en los codones de inicio (SEQ ID NO: 495) se amplificaron por PCR para clonarse en fase con la GFP en un plásmido pUAS. Las células de insecto S2 se cotransfectaron con una mezcla de plásmidos (relación 1/1/1, 300 ng en total) que codifican el DmmiPEP8::GFP o su versión mutada DmmiPEP8 mt::GFP, un pACT-GAL4 que permite su sobre expresión por medio del factor de transcripción GAL4 producido bajo el control del promotor de actina y de un vector de expresión que codifica la proteína moesina-RFP utilizada como control de la transfección, esta también se coloca

bajo el control del promotor de activa. 48h después de la transfección, las células se fijaron por adición de formaldehído en el medio de cultivo a un 4 % (p/v) final durante 10 min. Las células se aclararon inmediatamente 2x con PBS 1x y se montaron sobre portaobjetos para observarse el microscopio (Leica SPE).

Tabla 9. Secuencias clonadas

CGCACACACACACACACAATCACTCACACGCGGTCACAC GCACATTTCAATAAACTAATGGAGCCTGGCTTTGTTTTGTT TTATTTCCAACCCACTTGAGCACACAGCACACACAGAGAGA AAAATCAATACTCGTTATGGGATTAAATTTACAAAGCGCAA AGCAAAGCGACAAACAAAATTCAAAAGAAAGAAAAAAAAA CACTCAAATAAACTCACAAAGAATTCCTTATCGCCAAGGGG GCCAATGTTCTAAGGTTCTTTCGCCT	SEQ ID NO: 494
CGCACACACACACACACAATCACTCACACGCGGTCACAC GCACATTTCAATAAACTAAGTGAGCCTGGCTTTGTTTTGTT TTATTTCCAACCCACTTAAGCACACAGCACACACAGAGAGA AAAATCAATACTCGTTAGTGGATTAAATTTACAAAGCGCAA AGCAAAGCGACAAACAAAATTCAAAAGAAAGAAAAAAAAA CACTCAAATAAACTCACAAAGAATTCCTTATCGCCAAGGGG GCCAATGTTCTAAGGTTCTTTCGCCT	SEQ ID NO: 495

5 **C: Caracterización de los miPEP en el ser humano**

Ejemplo 5 - Caracterización del HsmiPEP155

Los fragmentos de ADN de interés (el HsmiPEP155 y el miPEP mutado) se sintetizaron o amplificaron por PCR con la ayuda de los cebadores específicos, después se clonaron con la ayuda de las enzimas XhoI y NotI en un plásmido pUAS que permite su sobre expresión por medio de un factor de transcripción GAL4 en el que la expresión se controla por un promotor fuerte constitutivo.

Las diferentes construcciones se llevaron a cabo sea por amplificación por PCR sobre el ADN genómico de células HeLa, sea por RT-PCR sobre los ARN totales de células humanas L428. Los fragmentos de PCR amplificados se digieren por las enzimas de restricción HindIII/EcoRI y después se clonaron en el vector pcDNA3.1. La cepa de *Escherichia coli* DH5α se electroporó y después se cultivó sobre un medio sólido (2YT+agar+ampicilina). El ADN plasmídico de diferentes clones se preparó de esta manera y se secuenció para su verificación. Las construcciones se prepararon inmediatamente con la ayuda del QIAfilter Plasmid Midi kit (QIAGEN) y se conservaron a -20 °C.

Las células HeLa (línea tumoral establecida, ATCC CCL-2.2) se cultivaron en placas de 6 pocillos en el medio completo [(DMEM (1x)+Glutamax+4,5 g/l de glucosa sin piruvato+1x de Penicilina/Estreptomicina + 1 mM de piruvato Na + un 10% de suero bovino) y se colocaron en una incubadora a 37 °C y un 5 % de CO₂.

Las células se transfectaron cuando tenían un 50 % de confluencia. Al principio del experimento, el medio completo que contenía los antibióticos se reemplaza por el medio completo sin antibióticos.

En cada pocillo, se preparó una mezcla A [250 µl de Optimem (+Glutamax) (Gibco) + 2 µg de ADN] y una mezcla B [250 µl de Optimem + 4 µl de Lipofectamina 2000 (Invitrogen)], dejándolo 5' a temperatura ambiente. Después la mezcla B se mezcló con la mezcla A gota a gota, y se dejó incubar 25' a temperatura ambiente. La mezcla se depositó entonces en el pocillo, gota a gota. 4-5 horas después, el medio se cambió y se reemplazó por medio completo con antibióticos. 48 horas después de la transfección, las células se detuvieron. El medio se aspiró y se eliminó, las células se aclararon con PBS 1x. Entonces es posible almacenar las células a - 20 °C o extraer directamente los ARN totales.

En cada pocillo, los ARN se extraen depositando 1 ml de Tri-Reagent (Euromedex) sobre las células. Se aspiró y vertió varias veces el Tri-reagent con el fin de lisar correctamente las células, y después se transfirieron a un tubo de 1,5 ml. Se añadieron 0,2 ml de cloroformo saturado en agua. Se mezcló por agitado, y después se dejó 2 a 3 minutos a temperatura ambiente. Se centrifugó 5 minutos a 15300rpm y a 4 °C. La fase acuosa se precipitó con 0,5 ml de isopropanol después de una incubación de 10 minutos a temperatura ambiente y una centrifugación de 15 minutos a 15300rpm y a 4 °C. El sobrenadante se eliminó y el aglomerado se aclaró con 1 ml de etanol al 70 % y se centrifugó 5 minutos a 15300rpm a 4 °C. De nuevo se eliminó el sobrenadante y el aglomerado se secó unos minutos al aire.

Con el fin de eliminar en el mejor de los casos el ADN genómico potencialmente restante, los ARN se trataron con una DNasa. Para esto, el aglomerado se resuspendió en 170 µl de agua ultra pura, 20 µl de tampón de DNasa 10x y 10 µl de DNasa libre de RNasa RQ1 y se colocó 30 minutos a 37 °C. Después, se añadieron 20 µl de SDS10 % y 5 µl de

proteínasa K (20 mg/ml) durante 20 minutos a 37 °C.

Se llevó a cabo una última extracción en fenol con 225 µl de una mezcla de Fenol/H₂O/Cloroformo, y se centrifugó durante 5 minutos a 15300 rpm a 4 °C.

- 5 La fase acuosa se precipitó entonces con 20 µl de Acetato Sódico 3M y 600 µl de etanol al 100% durante 20 minutos a -80 °C. Después, se centrifugó 15' a 4 °C a 15300rpm. Se eliminó el sobrenadante. Se aclaró el aglomerado en 1 ml de etanol al 70 %, se centrifugó 5' a 15300rpm, a 4 °C, se eliminó de nuevo el sobrenadante y se dejó unos minutos que se secase el aglomerado al aire.

El aglomerado se reanudó en 15-20 µl de agua ultra pura y se midieron los ARN.

- 10 10-15 µg de ARN totales se analizaron a continuación por transferencia de Northern sobre un gel de acrilamida al 15% [solución de acrilamida-bis-acrilamida al 40 %, relación 19:1], 7M de urea en TBE 1x. La migración se llevó a cabo a 400V, en TBE 1x como tampón de migración, después de haber precalentado el gel. Los ARN se electro-transfirieron a continuación sobre una membrana de nylon Biotodyne Plus 0,45 µm, durante 2 horas, a 1V y 4 °C en una cámara de transfección. Al final de la transfección, la membrana se irradió con UV a 0,124 J/cm². La membrana se pre-hibridó a continuación en un tampón 5xSSPE, 1xDenhardt, un 1% de SDS y 150ug/ml de ARNT de levadura, 1 hora a 50 °C en un horno de hibridación. Después, se añadió la sonda nucleotídica marcada en 5' con γ-³²P-ATP (0,5 a 1,10⁶ cpm/ml de tampón de hibridación) y se hibridó durante una noche a 50 °C. La membrana se lavó entonces 2 veces en 0,1xSSPE/0,1 %SDS a temperatura ambiente y se expone en una carcasa de radiografía que contiene una pantalla BioMax HE (Kodak) y una película BioMax MS (Kodak), para detectar un microARN, durante 24-48 horas, a -80 °C.
- 15

LISTADO DE SECUENCIAS

- 20 <110> CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE - CNRS UNIVERSITE PAUL SABATIER

<120> Micropéptidos y su utilización para la modulación de la expresión de genes

<130> WOB 13 CK TLS IPEP

<150> FR 13/60727

<151> 2013-10-31

- 25 <150> FR 14/55044

<151> 2013-10-31

<160> 495

<170> PatentIn version 3.5

- 30 <210> 1

<211> 33

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

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

Val	Arg	Glu	Ile	Lys	Lys	Ala	Thr	Arg	Ala	Ile	Lys	Lys	Gly	Lys	Thr
			20					25					30		

Leu

- 35 <210> 2

<211> 24

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

Met Arg Arg Gln Thr Ser Val Pro Phe Ala Cys Lys Arg Asp Lys Glu
1 5 10 15

Ser Asp Lys Ser His Lys Glu Arg
20

<210>3
<211> 37
<212> PRT
5 <213> Arabidopsis thaliana
<400>3

Met Val Met Phe Phe Leu Asp Leu Asp Lys Asn Pro Arg Phe Asp Leu
1 5 10 15

Leu Lys Gly Leu Lys Trp Asn Leu Phe Ser Ser His Ile Ser Pro Ser
20 25 30

Leu Pro Pro Ser Leu
35

<210>4
<211> 11
10 <212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 4

Met Lys Asp Asn Phe Pro Leu Leu Leu Arg Leu
1 5 10

<210>5
15 <211>4
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 5

Met Ser Asp Asp
1

<210>6
20 <211> 16
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400>6

Met Ile Tyr Ile Asn Lys Tyr Gly Ser Ile Ser Ala Val Glu Asp Asp
1 5 10 15

<210>7
<211>4
<212> PRT
25 <213> Arabidopsis thaliana
<400> 7

Met Ser Gln Arg
1

<210>8
<211> 16

<212> PRT
 <213> Arabidopsis lyrata
 <400> 8
 Met Thr Cys Pro Leu Leu Ser Leu Ser Phe Leu Leu Ser Lys Tyr Ile
 1 5 10 15
 5 <210>9
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 9
 Met Thr Trp Pro Leu Leu Ser Leu Ser Phe Leu Leu Ser Lys Tyr Val
 1 5 10 15
 10 <210> 10
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Capsella rubella
 <400> 10
 Met Thr Cys Thr Leu Ser Ala Leu Ser Leu Ser Leu Asn Met Phe Arg
 1 5 10 15
 Val Asn
 <210> 11
 <211>5
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 11
 Met Phe Tyr Leu Ser
 1 5
 <210> 12
 <211> 37
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 12
 Met Val Asn Thr Ser Ser Phe Phe Ile Ser Ser Phe Ile Leu Pro Leu
 1 5 10 15
 Val Leu Ser Glu Ser Asn Cys Leu Leu Phe Arg Thr Ile Tyr Lys Phe
 20 25 30
 Ser Met Val Leu Tyr
 35
 30 <210> 13
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 13

ES 2 729 402 T3

Met Phe Cys Leu Leu Ile Pro Ile Phe Ser Phe Val Phe Ser Pro Asn
1 5 10 15

Arg His Leu Arg Leu Gln Glu Gln
20

<210> 14
<211> 5
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 14

Met Phe Ser Pro Gln
1 5

<210> 15
<211> 23
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 15

Met Lys Tyr Ile His Ile Leu Ile Leu Phe Lys Ser Arg Ser Thr Tyr
1 5 10 15

Lys Leu Ser Thr Asn His Ile
20

<210> 16
<211> 10
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 16

Met Lys Ile Pro Leu Phe Leu Pro Lys Leu
1 5 10

<210> 17
<211> 27
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 17

Met Val Ser Gly Gln Glu Asp Ser Trp Leu Lys Leu Ser Ser Leu Cys
1 5 10 15

Phe Leu Phe Leu Ser Leu Leu Asp Ser Leu Ile
20 25

<210> 18
<211> 34
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 18

ES 2 729 402 T3

Met Phe Leu Leu Ile Phe Leu Arg Leu Ile Met Ile Cys Val Cys Ser
1 5 10 15

Ser Thr Asp Phe Leu Arg Ser Val Asn Tyr Phe Cys Leu Phe Ile Tyr
20 25 30

Asp Leu

<210> 19
<211> 9
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 19

Met Ser Thr Thr Gln Glu His Arg Ser
1 5

<210> 20
<211> 25
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 20

Met Ile Leu Lys Cys Trp Ser Ser Arg Phe Leu Arg Val Ser Pro Tyr
1 5 10 15

Gln Asn Ala His Ser Leu Ser Leu Gly
20 25

<210> 21
<211> 13
<212> PRT
<213> Arabidopsis lyrata
<400> 21

Met Pro Leu Ala Val Ile Arg Gln Gly Ile Val Trp Pro
1 5 10

<210> 22
<211> 24
<212> PRT
<213> Arabidopsis lyrata
<400> 22

Met Pro Ser Trp His Asp Met Val Leu Leu Pro Tyr Val Lys His Thr
1 5 10 15

His Ala Asn Thr Arg His Ile Thr
20

<210> 23
<211> 8
<212> PRT
<213> Arabidopsis lyrata

ES 2 729 402 T3

<400> 23

Met Thr Trp Phe Phe Cys Leu Thr
1 5

<210> 24
<211> 37
5 <212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 24

Met Pro Ser Trp His Gly Met Val Leu Leu Pro Tyr Val Lys His Thr
1 5 10 15

His Ala Ser Thr His Thr His Thr His Asn Ile Tyr Gly Cys Ala Cys
20 25 30

Glu Leu Val Phe His
35

10 <210> 25
<211> 22
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 25

Met Ala Trp Tyr Gly Ser Phe Ala Leu Arg Lys Thr His Ser Arg Gln
1 5 10 15

His Thr His Thr His Thr
20

15 <210> 26
<211> 8
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 26

Met Val Trp Phe Phe Cys Leu Thr
1 5

20 <210> 27
<211> 7
<212> PRT
<213> Brassica rapa

25 <400> 27

Met Met Ile Ile Leu Trp Lys
1 5

<210> 28
<211> 24
30 <212> PRT
<213> Brassica rapa

<400> 28

Met Leu Trp Ala Lys Leu Val Ser Phe Ser Thr Leu His Ser Leu Val
1 5 10 15

Phe Leu Leu Ser Pro Ser Phe Ala
20

<210> 29
<211> 29
<212> PRT
<213> Brassica rapa
<400> 29

Met Pro Ser Trp His Gly Ile Val Ile Leu Pro Phe Val Lys His Thr
1 5 10 15

His Ala Asn Ile His Tyr Ser Tyr Ser Cys Val Cys Ile
20 25

<210> 30
<211> 34
<212> PRT
<213> Carica papaya
<400> 30

Met Ile Ala Cys His Pro Tyr Leu Pro Phe Pro Leu Phe Leu Ser Leu
1 5 10 15

Thr Phe Tyr Ser Ile Phe Phe Ser Pro Ser Pro Pro Ser Pro Ser Leu
20 25 30

Pro Leu

<210>31
<211> 53
<212> PRT
<213> Carica papaya
<400> 31

Met Pro Ser Leu Leu Ala Phe Ser Pro Phe Pro Phe Ser Asn Ile Leu
1 5 10 15

Leu Asn Leu Leu Leu Pro Leu Pro Pro Phe Pro Leu Ser Ala Ile Ile
20 25 30

Thr Ile Ile Lys Pro Leu Ser Leu Ser Leu Pro Leu Ser Leu Ser Leu
35 40 45

Ser Gly Phe Ser Val
50

<210> 32

ES 2 729 402 T3

<211> 15
 <212> PRT
 <213> Capsella rubella
 <400> 32
 5 Met Glu Leu Lys Gly Leu Arg Thr Trp Gln Leu Leu Asp Lys Val
 1 5 10 15
 <210> 33
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Capsella rubella
 10 <400> 33
 Met Pro Ser Trp His Gly Met Ala Cys Phe Tyr Cys Leu Thr
 1 5 10
 <210> 34
 <211> 24
 <212> PRT
 15 <213> Capsella rubella
 <400> 34
 Met Ala Trp His Gly Met Phe Leu Leu Pro Tyr Val Lys His Thr His
 1 5 10 15
 Ala Asn Thr Tyr Ser Leu Tyr Met
 20
 <210> 35
 <211> 35
 20 <212> PRT
 <213> Gossypium raimondii
 <400> 35
 Met Met Arg Ser Arg Ile Leu Lys Phe Gln Tyr Arg Phe Gly Met Gly
 1 5 10 15
 Ile Gly Gly Arg Lys Gln Leu Lys Asn Gln Leu Cys Gln Ile Gln Gly
 20 25 30
 Arg Ile Ser
 35
 <210> 36
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Gossypium raimondii
 <400> 36
 Met Ser Asn Ser Arg Ser Tyr Gln Leu Lys
 1 5 10
 30 <210> 37
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Gossypium raimondii
 <400> 37

ES 2 729 402 T3

Met Asn Glu Asp Leu Glu Ile Ser Thr Arg Lys Arg Thr Pro Gln Leu
1 5 10 15

Cys

<210> 38
<211> 12
<212> PRT
<213> Medicago truncatula
<400> 38

Met Pro Lys Phe Asp Ile Phe Phe Tyr Ile Phe Val
1 5 10

<210> 39
<211> 83
<212> PRT
<213> Medicago truncatula
<400> 39

Met Ser Tyr Ile Ser Leu Ser Pro Lys Leu Leu Pro Ile Asn Thr Lys
1 5 10 15

Pro Phe Pro Trp Leu Val Gln Phe Asn Phe Tyr Phe Ser Ser Asn Thr
20 25 30

Lys Cys Asn Lys Leu His Phe Leu Gly Glu Lys Leu Leu Val Gly Glu
35 40 45

Ala Gly His Val Gln Ile Leu Phe Leu Ile His Ser Leu Ile Met His
50 55 60

Ile Asn Ile Phe Cys Thr Cys Ser Pro Ser Pro Thr Arg Leu Pro His
65 70 75 80

Pro Ser Leu

<210> 40
<211> 20
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 40

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

Ser Leu Ser Glu
20

<210>41
<211> 15
<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 41

Met Cys Val Cys Asp Ile Asn Met His Ser Met Leu Met Leu Leu
1 5 10 15

<210> 42

<211> 25

<212> PRT

<213> Arabidopsis lyrata

<400> 42

Met Arg Ile Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile Tyr Thr Cys Val Cys
20 25

<210> 43

<211> 18

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 43

Met Arg Val Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
1 5 10 15

Ile Leu

<210> 44

<211> 36

<212> PRT

<213> Brassica carinata

<400> 44

Met Arg Met Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile His Lys Tyr Val Tyr Met Leu Ile Gln Val Phe Asp
20 25 30

His Ile Cys Ile
35

<210> 45

<211> 27

<212> PRT

<213> Brassica juncea

<400> 45

Met Arg Met Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile His Lys Tyr Val Tyr Ile Cys
20 25

<210> 46
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

5 <400> 46

Met Arg Met Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
 1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile His Lys Tyr Val Tyr Met Ile Ile Gln Val Phe Asp
 20 25 30

His Ile Cys Ile
 35

<210> 47
 <211> 36
 <212> PRT
 <213> Brassica oleracea

10 <400> 47

Met Arg Met Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
 1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile His Lys Tyr Val Tyr Met Leu Ile Gln Val Phe Asp
 20 25 30

His Ile Cys Ile
 35

<210> 48
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Brassica rapa

15 <400> 48

Met Arg Met Lys Leu Phe Gln Leu Arg Gly Met Leu Ser Gly Ser Arg
 1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ile His Lys Tyr Val Tyr Ile Cys
 20 25

<210> 49
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

20 <400> 49

Met Leu Asp Leu Phe Arg Ser Asn Asn Arg Ile Glu Pro Ser Asp Phe
 1 5 10 15

Arg Phe Asp

ES 2 729 402 T3

<210> 50
 <211>4
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 5 <400> 50

Met Arg Asp Arg
1

<210>51
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 10 <400> 51

Met Asn Arg Lys Ile Ser Leu Ser Leu Ser
1 5 10

<210> 52
 <211>8
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 15 <400> 52

Met Met Gly Cys Phe Val Gly Phe
1 5

<210> 53
 <211>8
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 20 <400> 53

Met Gln Glu Glu Thr Tyr Glu Gly
1 5

<210> 54
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 25 <400> 54

Met Pro His Thr Asn Leu Lys Asp Leu Phe Ile Phe Ser Pro Asn Val
1 5 10 15

Phe Phe Ser Phe Ala Ile Tyr Leu His Asn Ser Trp Asn Lys Asn Tyr
20 25 30

Ile His Lys Arg Glu Asn Phe His Asn Thr Ser Phe Ala Leu Ile Phe
35 40 45

Phe Phe Ser Ser Ile Met Ser Ile Asn Tyr Gly
 30 50 55

ES 2 729 402 T3

<210> 55
 <211> 39
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

5 <400> 55

```

Met Phe Phe Phe Arg Leu Leu Phe Ile Ser Thr Ile Leu Gly Thr Lys
 1           5           10           15

Thr Thr Phe Thr Asn Glu Arg Ile Phe Thr Thr Pro Leu Leu Leu Ser
      20           25           30

Phe Phe Phe Phe Arg Pro Leu
      35
  
```

<210> 56
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 56

```

Met Arg His Lys Glu Ser
 1           5
  
```

<210> 57
 <211> 34
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

15 <400> 57

```

Met Asn Leu Leu Lys Lys Glu Arg Gln Arg Arg Arg Gln Arg Ser Ile
 1           5           10           15

Gly Ser His Cys Ile Ala Ser Leu Val Leu Lys Asp Gly Tyr Met Lys
      20           25           30

Lys Ile
  
```

<210> 58
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

20 <400> 58

```

Met Val Leu Ser Gly Lys Leu Thr Phe
 1           5
  
```

<210> 59
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Medicago truncatula

25 <400> 59

Met Leu Leu His Arg Leu Ser Lys Phe Cys Lys Ile Glu Arg Asp Ile
1 5 10 15

Val Tyr Ile Ser

20

<210> 60
<211> 5
<212> PRT
<213> Medicago truncatula
<400> 60

Met Lys Ile Glu Glu
1 5

<210>61
<211> 34
<212> PRT
<213> Zea mays
<400> 61

Met His Leu Pro Ser Thr Pro Ser Arg Pro Pro Pro Gln His Thr Ser
1 5 10 15

Leu Ser Phe Leu Gly Lys Glu Met Thr Lys Gly Thr Thr Thr Ala Cys
20 25 30

Phe Gly

<210> 62
<211> 10
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 62

Met Leu Ser Leu Ser His Phe His Ile Cys
1 5 10

<210> 63
<211> 23
<212> PRT
<213> Medicago truncatula
<400> 63

Met Met Val Phe Gly Lys Pro Lys Lys Ala Met Leu Val Arg Phe Asn
1 5 10 15

Pro Lys Thr Asp Leu His Val
20

<210> 64
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Medicago truncatula
 5 <400> 64

 Met Ala Ser Ala Ala Lys Val Tyr Met Ala
 1 5 10

 <210> 65
 <211> 6
 <212> PRT
 10 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 65

 Met Ala Ser Lys Ile Trp
 1 5

 <210> 66
 <211> 10
 <212> PRT
 15 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 66

 Met Val Arg Phe Gln Leu Ser Ile Arg Asp
 1 5 10

 <210> 67
 <211> 12
 <212> PRT
 20 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 67

 Met Cys Thr Tyr Tyr Tyr Leu Ile Asn Lys Tyr Phe
 1 5 10

 <210> 68
 <211> 11
 <212> PRT
 25 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 68

 Met Phe Pro Ala Lys Trp Cys Arg Leu Glu Ser
 1 5 10

 <210> 69
 <211> 22
 <212> PRT
 30 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 69

 Met Gly Ser Leu Ser Leu Phe Lys Ser Gln Leu Glu Ile Leu Met Leu
 1 5 10 15

 Leu Leu Ser Leu Ser Lys

<210> 70
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 5 <400> 70
 Met Ser Val Tyr Ile His Val Pro Ile Ser Leu Asn Cys Phe Ser Pro
 1 5 10 15
 Lys Ser Ser Cys
 20
 <210>71
 <211> 11
 <212> PRT
 10 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 71
 Met Gly Val Pro Asn Phe Arg Pro Arg Asn Arg
 1 5 10
 <210> 72
 <211> 23
 <212> PRT
 15 <213> Arabidopsis cebennensis
 <400> 72
 Met Arg Ser Arg Val Ser Phe Phe Phe Phe Lys Ile Met Leu Phe Arg
 1 5 10 15
 Leu Leu Gly Tyr Arg Ser Met
 20
 <210> 73
 <211> 44
 <212> PRT
 20 <213> Arabidopsis cebennensis
 <400> 73
 Met His Thr Tyr Ile His Thr Ile Ser Asn Ile Ser Ser Ile Phe Phe
 1 5 10 15
 Cys Ser Lys Arg Ser Phe Ser Pro Phe Thr Tyr Ile Arg Ile Ile Val
 20 25 30
 Val Ile Asp Pro Phe Arg Ile Ala Leu Thr Phe Arg
 35 40
 25 <210> 74
 <211> 22
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis halleri
 <400> 74

ES 2 729 402 T3

Met Arg Ser Arg Val Ser Leu Phe Leu Ser Phe Ser Ser Asn Phe Ala
1 5 10 15

Ala Tyr Ser Pro Arg Ser
20

<210> 75
<211> 48
<212> PRT
<213> Arabidopsis lyrata

<400> 75

Met His Thr Tyr Ile Pro Ser Ser Ser Phe Pro Ile Ser Asn Ile Ser
1 5 10 15

Ser Val Phe Phe Cys Tyr Lys Arg Ser Phe Ser Pro Tyr Thr Tyr Ile
20 25 30

Arg Ile Ile Val Val Ile Asp Pro Phe Arg Ile Ala Leu Thr Phe Arg
35 40 45

<210> 76
<211> 50
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 76

Met Asn Ile His Thr Tyr His His Leu Leu Phe Pro Ser Leu Val Phe
1 5 10 15

His Gln Ser Ser Asp Val Pro Asn Ala Leu Ser Leu His Ile His Thr
20 25 30

Tyr Glu Tyr Ile Ile Val Val Ile Asp Pro Phe Arg Ile Thr Leu Ala
35 40 45

Phe Arg
50

<210> 77
<211> 19
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 77

Met Phe Gln Thr Leu Tyr Leu Phe Ile Tyr Ile His Thr Asn Ile Leu
1 5 10 15

Leu Leu Ser

<210> 78
<211> 45

ES 2 729 402 T3

<212> PRT
<213> Brassica rapa
<400> 78

```

Met Phe Lys Leu Tyr Phe Ser Ala Ile Leu Ser Thr Gln Tyr Met His
1           5           10           15

Thr Tyr His His Arg Ile Ala Leu Ile Phe Leu Ser Ile Leu Tyr Pro
          20           25           30

Ser Thr Asn Tyr Leu Met Ser Pro Ile Leu Asn Pro Thr
          35           40           45

```

5 <210> 79
<211> 20
<212> PRT
<213> Carica papaya
<400> 79

```

Met Lys Ile Lys Leu Gly Phe Ser Leu Ile Lys Ile Ile Ile Leu Leu
1           5           10           15

Asp Lys Asn Ser
          20

```

10 <210> 80
<211> 21
<212> PRT
<213> Capsella rubella
15 <400> 80

```

Met His Pro His Thr Tyr Ile His Ile Pro Ser Ser Ser Phe Leu Ile
1           5           10           15

Ser Ser Phe Cys Leu
          20

```

20 <210> 81
<211> 45
<212> PRT
<213> Eucalyptus grandis
<400> 81

```

Met Lys His Ile Gln Arg Trp Arg Tyr Gly Glu Thr Ser Gly Arg Gln
1           5           10           15

Gly Asp Trp Lys Arg Leu Glu Ile Lys Val His Ser Asn Pro Ser Leu
          20           25           30

Lys Val Lys Lys Asn Thr Asn Asn Phe Ser Ser Ser Leu
          35           40           45

```

<210> 82
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> *Gossypium raimondii*

5 <400> 82

Met Ile His Phe Asn Leu Ser Gln Trp Arg Ala Ile Cys Met Ala Asn
 1 5 10 15

Phe His Leu Thr Tyr Ser Phe Leu Phe Gly Val Leu
 20 25

<210> 83
 <211> 21
 <212> PRT
 <213> *Medicago truncatula*

10 <400> 83

Met His Val Tyr Leu Glu Leu Phe Met Val Ile Lys Gly Leu Gly Phe
 1 5 10 15

Leu Leu Leu Val Lys
 20

<210> 84
 <211> 23
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

15 <400> 84

Met Glu Met Ile Gln Arg Pro Cys Leu Ile Leu Lys Phe Phe Phe Lys
 1 5 10 15

Leu Ser Thr Leu Tyr Ile Pro
 20

<210> 85
 <211> 38
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

20 <400> 85

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

Thr Gln Pro Asn Pro Arg Cys Leu Pro Asp Leu Arg Phe Pro Ser Cys
 20 25 30

Phe Thr Pro Cys Thr Ala
 35

25 <210> 86
 <211> 42
 <212> PRT

ES 2 729 402 T3

<213> Thellungiella halophila

<400> 86

Met Thr Ile Cys Lys Val Ser Lys Ala Cys Phe Tyr Ala Gly Lys Ile
1 5 10 15

Glu Asn Ser Arg Leu Ile Lys Lys Ile Gly Ile Pro Lys Arg Glu Gly
20 25 30

Ala Pro Phe Ser Pro Ile Arg Glu Asn Gln
35 40

<210> 87

<211> 37

<212> PRT

<213> Thellungiella halophila

<400> 87

Met Glu Ile Gln Ile Lys Lys Lys Asn Leu Tyr Ile Met Asn Thr Gln
1 5 10 15

Lys Leu Pro Asn Leu Tyr Ile Tyr Ile Tyr Lys Tyr Val Phe Ile Lys
20 25 30

Leu Met Val Val Glu
35

<210> 88

<211> 43

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 88

Met Val Pro Gln Ile Asn Leu Trp Ser Ser Arg Val Ile Leu Lys Ile
1 5 10 15

Arg Ile Asp Ser Ser Thr His Arg Glu Glu Asp His Cys Ile Gln Asn
20 25 30

His Lys His Gly Leu Ser Phe Ile Phe Ser Phe
35 40

<210> 89

<211> 16

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 89

Met Ser Leu Gln Phe Tyr Glu Arg Val Ser Phe Lys Asn Thr Val Lys
1 5 10 15

<210> 90

<211> 12

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

ES 2 729 402 T3

<400> 90

Met Thr Glu Gln Glu Glu Glu Ser Gln Met Ser Thr
1 5 10

<210>91

<211> 39

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 91

Met Tyr Leu Gln Tyr Ile Asp Asn Val Ile Ser Ile Tyr Ser Asn Asn
1 5 10 15

Arg Arg Val Gly Arg Met Phe Ser Arg Val Pro Leu Ser Thr Ser Leu
20 25 30

Glu Ile Gln Phe Phe Ile Lys
35

<210> 92

10 <211> 12

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 92

Met Ser Lys Glu Ile Phe Phe Ser Pro Gly Phe Glu
1 5 10

15 <210> 93

<211> 44

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 93

Met Arg Thr His Glu Gln Ser Thr Ala Ile Thr Thr Leu Arg His Cys
1 5 10 15

Tyr Ser Ser Arg Phe Met Cys Ser Gln Val Thr Pro Ala Glu Leu Phe
20 25 30

Leu Tyr Arg Pro Cys Phe Ile Asn Ala Val Ala Arg
35 40

20

<210> 94

<211>5

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

25 <400> 94

Met Lys Arg Asn Met
1 5

ES 2 729 402 T3

<210> 95
 <211>5
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 5 <400> 95

Met Gln Cys Glu Ile
 1 5

<210> 96
 <211>4
 <212> PRT
 10 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 96

Met Phe Cys Ala
 1

<210> 97
 <211>6
 <212> PRT
 15 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 97

Met Val Met Ala His His
 1 5

<210> 98
 <211> 54
 <212> PRT
 20 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 98

Met Met Lys Pro Arg Trp Asn Cys Ser Leu Tyr Gly Ile Thr Glu Trp
 1 5 10 15

Thr Asn Asn Gln Asn Gln Lys Ser Lys Arg Lys Gly Arg Arg Lys Thr
 20 25 30

Gln Ile Trp Arg Ile Gly Asp Arg Leu Asp Thr Val Glu Cys Ile Thr
 35 40 45

Leu Met Leu Ser Ala Tyr
 50

25 <210> 99
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 99

ES 2 729 402 T3

Met Leu Leu Ile Ile Val Glu Leu Val Leu
1 5 10

<210> 100
<211> 14
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 100

Met Leu Cys Phe Asn Phe Arg Cys Val Arg Arg Phe Ala Glu
1 5 10

<210> 101
<211> 36
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 101

Met Tyr Thr Tyr Gln Leu Asp Asn Ser Phe Ser Trp Phe Leu Cys Thr
1 5 10 15

Arg Phe Cys Leu Tyr Arg Tyr Phe Leu Phe Asn Phe Arg Cys Phe Arg
20 25 30

Arg Phe Ser Glu
35

<210> 102
<211> 88
<212> PRT
<213> Drosophila melanogaster
<400> 102

Met Trp Arg Glu Val Cys Ala Gln Lys Ser Gln Thr Lys Arg Arg Asn
1 5 10 15

Phe Ile Thr Gly Asn Gln Arg Arg Asn Lys Thr Lys Ala Asn Arg Lys
20 25 30

Ala Glu Thr Lys Gln Gln Lys Val Tyr Glu Phe Phe Val Gln Ala Arg
35 40 45

Glu Arg Cys Lys Thr Arg Lys Lys His Glu Lys Lys Thr Leu Lys Lys
50 55 60

Thr Lys Lys Ile Gln Asn Arg Tyr Arg Ala Val Ser Glu Asn Glu Trp
65 70 75 80

Gly Lys Gly Phe Pro Ser His Ile
85

<210> 103

ES 2 729 402 T3

<211> 36
 <212> PRT
 <213> Drosophila melanogaster
 <400> 103

Met Arg Thr Lys Lys Ser Asn Lys Lys Ala Gln Phe Tyr Tyr Gly Gln
 1 5 10 15

Pro Thr Thr Lys Gln Asn Lys Ser Gln Pro Lys Ser Arg Asn Lys Ala
 20 25 30

Ala Lys Ser Leu
 35

5

<210> 104
 <211> 71
 <212> PRT
 <213> Drosophila melanogaster

10

<400> 104

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

Gln His Thr Gln Arg Glu Lys Ser Ile Leu Val Met Gly Leu Asn Leu
 20 25 30

Gln Ser Ala Lys Gln Ser Asp Lys Gln Asn Ser Lys Glu Arg Lys Lys
 35 40 45

Asn Thr Gln Ile Asn Ser Gln Arg Ile Pro Tyr Arg Gln Gly Gly Gln
 50 55 60

Cys Ser Lys Val Leu Ser Pro
 65 70

<210> 105
 <211> 92
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

15

<400> 105

atgttctgtt caattcaatg cgtcgccaga catctgttcc ctttgcatgt aagagagata 60

aagaaagcga caagagccat aaagaaaggt aa 92

<210> 106
 <211> 75
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

20

<400> 106

ES 2 729 402 T3

	atgcgctcgcc agacatctgt tccctttgca tgtaagagag ataaagaaag cgacaagagc	60
	cataaagaaa ggtaa	75
5	<210> 107 <211> 114 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 107	
	atgggttatgt tttttctcga tttagacaaa aaccctagat ttgatcttct aaagggctctc	60
	aaatggaatc tcttctcttc tcatatctct ccctctctcc ctccctctct ttga	114
10	<210> 108 <211> 36 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 108	
	atgaaggaca acttctct tctcctcgg ttataa 36	
15	<210> 109 <211> 15 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 109	
	atgagtgatg actga 15	
20	<210> 110 <211> 51 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 110	
25	atgatata taaataaata tgggtcgata tcggctgtgg aggacgacta g 51	
	<210> 111 <211> 15 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
30	<400> 111 atgagccaaa gataa 15	
	<210> 112 <211> 51 <212> ADN <213> Arabidopsis lyrata	
35	<400> 112 atgacgtgtc ctctctctc tctctcttc ctctctcta agtatattta g 51	
40	<210> 113 <211> 51 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 113	

	atgacgtggc ctctctctc tctctcttc ctctctcta agtatgtta g	51
	<210> 114	
	<211> 53	
5	<212> ADN	
	<213> Capsella rubella	
	<400> 114	
	atgacgtgta ctctctctgc tctatctctc tctctaaata tgttagggg taa	53
	<210> 115	
10	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 115	
	atgttttctc ttccataa	18
15	<210> 116	
	<211> 114	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 116	
	atgggttaata ctagtagctt ttccatttca agttttatcc ttccattggg tctttctgag	60
	tcaaattgtc tctgttttcg aaccatatat aagttttcaa tggttttgta ttaa	114
20	<210> 117	
	<211> 75	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 117	
	atgtttttgtt tgttgattcc catcttctct tttgtctttt caccaaactg tcatttaagg	60
25	cttcaagaac agtaa	75
	<210> 118	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
30	<400> 118	
	atgttttccc ctcaatga	18
	<210> 119	
35	<211> 72	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 119	
	atgaaataca tacacatttt gattttattt aaatcaagat cgacgtataa gctatccacc	60
	aatcatattt aa	72
40	<210> 120	
	<211> 33	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	

	<400> 120		
	atgaaaattc cattgtttct gccgaagctt tga	33	
5	<210> 121 <211> 84 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 121		
	atgggtatctg gtcaagaaga ttccctgggtta aaactttcat ctctctgttt ccttttttctt	60	
	tcttttggttg attcattaat ttga	84	
10	<210> 122 <211> 105 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 122		
	atgttttcttt taatcttttt gagattaata atgatttgtg tttgttcatc aaccgatttt	60	
	ctcagatctg tcaattattt ttgtttattt atttatgatt tatga	105	
15	<210> 123 <211> 30 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 123		
20	atgtccacta ctcaagagca taggtcttga	30	
	<210> 124 <211> 78 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana		
25	<400> 124		
	atgatactaa agtgctggag ttcccgggttc ctgagagtga gtccatatca aaatgcgcat	60	
	tcggttatcac ttggttga	78	
30	<210> 125 <211> 42 <212> ADN <213> Arabidopsis lyrata		
	<400> 125		
	atgcccttag cagtattag acaagggtt gttggccct ag	42	
35	<210> 126 <211> 75 <212> ADN <213> Arabidopsis lyrata		
	<400> 126		
	atgccatcat ggcattgacat ggttcttttg ccttacgtaa aacacactca cgccaacaca	60	
	cgccacataa cataa	75	

	<210> 127		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis lyrata		
5	<400> 127		
	atgacatggt tctttgcct tacgtaa	27	
	<210> 128		
	<211> 114		
	<212> ADN		
10	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 128		
	atgccatcat ggcattgtat ggttcttttg ccttacgtaa aacacactca cgccagcaca		60
	cacacacaca cacataacat atacggatgt gcgtgtgagc tagtcttcca ttaa		114
	<210> 129		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
15	<400> 129		
	atggcatggt atggttcttt tgccttacgt aaaacacact cagccagca cacacacaca		60
	cacacataa		69
	<210> 130		
	<211> 27		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
20	<400> 130		
	atggtatggt tctttgcct tacgtaa	27	
	<210> 131		
	<211> 24		
	<212> ADN		
	<213> Brassica rapa		
	<400> 131		
25	atgatgataa tttgtggaa ataa	24	
	<210> 132		
	<211> 75		
	<212> ADN		
	<213> Brassica rapa		
30	<400> 132		
	atgctttggg ccaagctagt ttcttttagc actcttcact cactagtttt tcttctcagc		60
	ccttcttttg cgtga		75
	<210> 133		
	<211> 120		
	<212> ADN		

	<213> Brassica rapa	
	<400> 133	
	atgccatcat ggcattggcat tgtcattttg ccttttcgtaa aacacactca cgccaacata	60
	cattatttcat attcatgtgt atgtatatga atgccatcat ggcattatgcc atcatggcat	120
5	<210> 134 <211> 105 <212> ADN <213> Carica papaya	
	<400> 134	
	atgattgcat gccatcccta ctctgcctttt ccccttttcc tttctctaac attttactca	60
	atctttcttct ccccttcccc ccttcccccc tctctgccat tataa	105
10	<210> 135 <211> 162 <212> ADN <213> Carica papaya	
	<400> 135	
	atgccatccc taattgcctt ttccccctttt cctttctcta acattttact caatcttctt	60
	ctccccctcc ccccttcccc cctctctgcc attataacca taattaaacc tctctccctc	120
15	tctctccctc tctctctctc tctctctggg ttctcagtat aa	162
	<210> 136 <211> 48 <212> ADN <213> Capsella rubella	
20	<400> 136	
	atggaattaa aaggttgag aactggcag ttattagaca aggtatag	48
	<210> 137 <211> 45 <212> ADN <213> Capsella rubella	
25	<400> 137	
	atgccatcat ggcattggcat ggcattttc tattgcctta cgtaa	45
	<210> 138 <211> 90 <212> ADN <213> Capsella rubella	
30	<400> 138	
	atggcatggc atgtttctat tgccttacgt aaaacacact cagccaaca cataactcact	60
	atacatgtaa ataagtatgt gcgcgtgtga	90
35	<210> 139 <211> 108 <212> ADN <213> Gossypium raimondii	
	<400> 139	

	atgatgagat caagaat ttt aaagtttcaa tatagatttg gcatgggtat tggcggcaga	60
	aagcaattaa aaaaccagtt atgtcaaatt caaggtcgta tcagttaa	108
5	<210> 140 <211> 33 <212> ADN <213> Gossypium raimondii <400> 140 atgtcaaatt caaggtcgta tcagtaaaa tga 33	
10	<210> 141 <211> 54 <212> ADN <213> Gossypium raimondii <400> 141	
15	atgaatgaag atttagaat ttcaacaagg aagaggaccc cacagcttg ttaa 54 <210> 142 <211> 39 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 142	
20	atgcccaaat ttgatattt ttttatata ttgtatag 39 <210> 143 <211> 231 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 143	
25	atgtcatata tctctctctc tcctaagttg ctacctataa atactaagcc tttcccttg 60 ttggttcaat tcaacttcta cttctcatca aacacaaagt gcaataagct tcatttcctg 120 ggtgagaagc tccttgttg agaagcaggg cacgtgcaaa tcctctttct gattcattct 180 ctcataatgc atatcaatat cttttgcacg tgctcccctt ctccaactag g 231	
30	<210> 144 <211> 63 <212> ADN <213> Oryza sativa <400> 144	
35	atgcaaacc actccaacac tccacaatcc acatactctc tctctctctc tctctctgag 60 tag 63 <210> 145 <211> 48 <212> ADN <213> Oryza sativa <400> 145	
	atgtgtgtgt gtgatataa tatgcattcg atgtgatgc tactgtag 48 <210> 146 <211> 78	

ES 2 729 402 T3

	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis lyrata		
	<400> 146		
	atgagaatta agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatacata	60	
	tatacatgtg tatgttga	78	
5	<210> 147		
	<211> 57		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 147		
10	atgagggta agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatag	57	
	<210> 148		
	<211> 111		
	<212> ADN		
	<213> Brassica carinata		
15	<400> 148		
	atgagaatga agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatatata	60	
	cacaaatag tatatatgtt aatacaagt tttgatcata tatgtatata g	111	
	<210> 149		
	<211> 84		
	<212> ADN		
20	<213> Brassica juncea		
	<400> 149		
	atgagaatga agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatatata	60	
	cacaaatatg tatatatatg ttaa	84	
	<210> 150		
	<211> 111		
25	<212> ADN		
	<213> Brassica napus		
	<400> 150		
	atgagaatga agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatatata	60	
	cacaaatag tatatatgat aatacaagt tttgatcata tatgtatata g	111	
	<210> 151		
30	<211> 111		
	<212> ADN		
	<213> Brassica oleracea		
	<400> 151		
	atgagaatga agctatttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatatata	60	
	cacaagtacg tatatatgtt aatacaagt tttgatcata tatgtatata g	111	
35	<210> 152		
	<211> 84		
	<212> ADN		

	<213> Brassica rapa	
	<400> 152	
	atgagaatga agctattttca gttgagggga atgttgtctg gatcgaggat attatatata	60
	cacaaatatg tatatatatg ttaa	84
5	<210> 153 <211> 60 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 153	
	atgttgatc tcttcgatc taacaatcga attgaacct cagatttcag attgattag	60
10	<210> 154 <211> 15 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 154	
15	atgagagata gataa 15 <210> 155 <211> 33 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
20	<400> 155 atgaacagaa aaatctctct ttctcttct tga 33 <210> 156 <211> 27 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
25	<400> 156 atgatgggtt gtttgtggg attttaa 27 <210> 157 <211> 27 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
30	<400> 157 atgcaggagg aaacatatga ggggtga 27 <210> 158 <211> 180 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
35	<400> 158 atgccacata caaacttgaa agatctcttc atcttttctc caaatgtttt tttttcgttt 60 gctattttatc tccacaattc ttggaacaaa aactacattc acaaacgaga gaattttcac 120 aacacctctt ttgctctcat tttttttttt tcgtccatta tgagtattaa ttatgggttag 180	
40	<210> 159 <211> 120	

ES 2 729 402 T3

<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 159

atgtttttttt ttcgtttgct atttatctcc acaattcttg gaacaaaaac tacattcaca 60
aacgagagaa ttttcacaac acctcttttg ctctcatttt ttttttttcg tccattatga 120

5 <210> 160
<211> 21
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 160

10 atgagacata aagagagta a 21
<210> 161
<211> 105
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

15 <400> 161
atgaacctcc tcaagaagga aagacagagg aggagacaaa gaagtatagg ttcacattgc 60
atagccagtt tagttttgaa ggatggatat atgaaaaaaa tatga 105

20 <210> 162
<211> 30
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 162
atggttctct ccggtaaatt aacattttag 30

25 <210> 163
<211> 63
<212> ADN
<213> Medicago truncatula
<400> 163

atgcttcttc ataggctctc caaattttgc aaaattgaaa gagacatagt atatatatct 60
tag 63

30 <210> 164
<211> 18
<212> ADN
<213> Medicago truncatula
<400> 164

atgaagattg aagagtaa 18
35 <210> 165
<211> 105
<212> ADN
<213> Zea mays
<400> 165

	atgcatctgc cttcaactcc ctctcgcccc ccacccaac acacatctct ctcttttcta	60
	gggaaggaaa tgacgaagg gacgacgacg gcatgcttcg gctag	105
5	<210> 166 <211> 33 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 166 atgtgtctc ttctcattt tcatatctgc taa 33	
10	<210> 167 <211> 72 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 167 atgatggtgt ttgggaagcc gaaaaaagcg atgttggtga ggttcaatcc gaagacggat	60
	ttacatgtat ag	72
15	<210> 168 <211> 33 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 168 atggcttcag ctgcaaaagt atacatggcg tga 33	
20	<210> 169 <211> 21 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 169 atggctcca agatctggta a 21	
25	<210> 170 <211> 33 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 170 atggttaggt tccaactaag tatacgagat taa 33	
30	<210> 171 <211> 39 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 171 atgtgtacgt actattatct cataaataaa tatttttaa 39	
35	<210> 172 <211> 36 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 172 atgtttccag caaaatggtg ccgtcttgag tctga 36	
40		

	<210> 173		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
5	<400> 173		
	atgggatctc tctcttttatt taaaagtcaa ttagagatct tgatgctact tctgtccctt	60	
	tccaagtga	69	
	<210> 174		
	<211> 63		
	<212> ADN		
10	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 174		
	atgagtgtat atattcatgt acctatctct ctcaattgct tctcaccaaa atcatcttgc	60	
	tga	63	
	<210> 175		
	<211> 36		
15	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 175		
	atgggagttc ccaactttag acctcgaaac cgataa	36	
	<210> 176		
20	<211> 72		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis cebennensis		
	<400> 176		
	atgagatcta gggtttcttt ctttttcttc aaaatcatgc tttttcgctt gctagggttat	60	
	agatccatgt aa	72	
25	<210> 177		
	<211> 134		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis cebennensis		
	<400> 177		
	atgcatacat acatacatat catctctaata atttcatcaa tcttcttttg ttccaaacgc	60	
	ctttctctcc atttacatac atacgaatca ttgttgtcat agatccggtt agaattgctt	120	
30	taacttttag atga	134	
	<210> 178		
	<211> 69		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis halleri		
35	<400> 178		
	atgagatcta gggtttcttt gtttctttcg ttttcttcaa attttgctgc atattctcca	60	
	agatcatga	69	
	<210> 179		

	<211> 147		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis lyrata		
	<400> 179		
	atgcatacat acataccatc atcatctttt cccatctcta atatttcac agtcttcttt	60	
	tgttacaaac gctctttctc gccatatata tacataagaa tcattgttgt catagatccg	120	
5	tttagaattg ctttaacttt tagatga	147	
	<210> 180		
	<211> 153		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
10	<400> 180		
	atgaatatac atacatacca tcatcttctt ttcccatctc tagtttttca tcaatcttct	60	
	gatgttccaa acgctctatc tcttcatata catacatacg aatatattat tgttgtcata	120	
	gatccattta gaatcacttt agcttttaga tga	153	
	<210> 181		
	<211> 60		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
15	<400> 181		
	atgttccaaa cgctctatct cttcatatac atacatacga atatatatt gttgtcatag	60	
	<210> 182		
	<211> 138		
	<212> ADN		
	<213> Brassica rapa		
20	<400> 182		
	atgtttaagc tctacttctc agcaattctc tccacccaat acatgcatac ataccatcat	60	
	cgtatcgctc taatttttct atcaatcttg tctccttcca caaattatct tatgtctccc	120	
	attttaaadc ctacatag	138	
	<210> 183		
	<211> 63		
	<212> ADN		
	<213> Carica papaya		
25	<400> 183		
	atgaagatta aattagggtt tagtcttatt aagattatta tattactaga caaaaacagt	60	
	taa	63	
	<210> 184		
	<211> 66		
	<212> ADN		
	<213> Capsella rubella		
30	<400> 184		

ES 2 729 402 T3

	atgcatccac atacatacat acatatacca tcattcttctt ttctcatctc tagtttttgt	60
	ttataa	66
5	<210> 185 <211> 138 <212> ADN <213> Eucalyptus grandis <400> 185	
	atgaagcata ttcaaaggtg gagatatggg gagacttccg gaaggcaagg ggattggaaa	60
	aggctcgaga tcaaagtgc tagcaaccct tcgctaaagg tgaaaaagaa tacgaataac	120
	ttcagtagct cactttta	138
10	<210> 186 <211> 87 <212> ADN <213> Gossypium raimondii <400> 186	
	atgatccatt tcaacctgtc acagtggaga gcaatttgta tggctaattt ccattctacc	60
	tattcttttc tgtttggggg tctctag	87
15	<210> 187 <211> 66 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 187	
	atgcatgtat atcttgaatt gtttatggta ataaaggggt taggatttct ctttttggtg	60
	aagtga	66
20	<210> 188 <211> 72 <212> ADN <213> Oryza sativa <400> 188	
	atggaaatga tacaaaggcc gtgtttaatt ttaaaatttt ttttcaaact ttcaacactt	60
25	tacatcccat aa	72
	atgttccacc gtcggagatc ctcggtgctg ctacccccgt tcggccaaac ccaacccaac	60
	cctagggtgtc tgccggacct ccggttcccc tctgtttca cccctgcac cgcttaa	117
30	<210> 190 <211> 129 <212> ADN <213> Thellungiella halophila <400> 190	

ES 2 729 402 T3

	atgacgatat gtaaagtaag caaggcatgt ttttatgcag ggaagattga aaattcaaga	60
	ttaatcaaga aaattggaat accaaaaaga gagggagctc ccttcagtcc aatcagagag	120
	aatcaatga	129
5	<210> 189 <211> 117 <212> ADN <213> Physcomitrella patens <400> 189	
10	<210> 191 <211> 114 <212> ADN <213> Thellungiella halophila <400> 191	
	atgggagattc aaattaaaaa gaaaaactta tatataatga atacacaaaa gctaccta	60
	ctgtatatat atatatataa atatgtcttc attaaattaa tggtcgtgga atag	114
15	<210> 192 <211> 132 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 192	
	atggtacctc aaattaatct atggtcatct agggttatct tgaagattag aattgattct	60
	agcacgcaca gagaggaaga tcattgcatc cagaatcaca aacatggcct atcttttatc	120
	ttttcttttt ga	132
20	<210> 193 <211> 51 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 193	
	atgtctctcc aatttatga gagggttcc ttcaagaaca cagtaaaata g	51
25	<210> 194 <211> 39 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 194	
30	atgacagagc aagaagaaga aagtcaaatg tccacatga	39
	<210> 195 <211> 120 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
35	<400> 195	

	atgtatctac aatataattga taatgtaata tctatatatt caaacaatcg tcgtgttggt	60
	cggatgtttt ctagagttcc tctgagcact tcattggaga tacaattttt tataaaatag	120
5	<210> 196 <211> 39 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 196 atgagcaagg agatatttt tccccctggg ttgaaatga	39
10	<210> 197 <211> 133 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 197 atgagaacac acgagcaatc aacggctata acgacgctac gtcattgtta cagctctcgt	60
	ttcatgtgtt ctcagggtcac ccctgctgag ctctttctct accgtccatg ttttatcaac	120
	gccgtggccc gtg	133
15	<210> 198 <211> 18 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 198 atgaagagaa acatgtaa	8
20	<210> 199 <211> 18 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 199 atgcaatgtg aaatatga	18
25	<210> 200 <211> 15 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 200 atgttttgtg cttga	15
30	<210> 201 <211> 21 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 201 atggatcatgg ctcatcatta g	21
35	<210> 202 <211> 165 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
40		

ES 2 729 402 T3

	<400> 202	
	atgatgaaac ctcgatggaa ctgctctctt tatggaatca cggaatggac aaataatcaa	60
	aatcagaaat cgaagcgaaa agggaggaga aaaacgcaga ttggaggat tggggacaga	120
	ttagatactg ttgaatgcat cactctaatag ctatcagcct attaa	165
5	<210> 203 <211> 33 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 203	
	atgctgcta tcatcgtgga gttggtctg taa	33
10	<210> 204 <211> 45 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 204	
	atgcttgtt tcaattcag gtgcgttaga aggttgcag agtag	45
15	<210> 205 <211> 108 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 205	
	atgtacacct accagcttga taactctttt tcgtggtttc tgtgtactcg tttctgtttg	60
20	tacagatact tcttgttcaa tttcagatgc tttagaaggt tttcggag	108
	<210> 206 <211> 267 <212> ADN <213> Drosophila melanogaster	
25	<400> 206	
	atgtggcgcg aagtatgcgc acaaaaaagt caaacaacaaa ggcgcaatth tattacgggc	60
	aaccaacgac gaaacaaaaa aaaagccaac cgaaaagcag aaacaaagca gcaaaaagtt	120
	tatgaattht ttgtgcaggc gcgtgaaaga tgcaaacga gaaaaaaca tgaaaaaaa	180
	acattaaaaa aaacaaaaaa aatccaaaac agataccgag ctgtatccga aaacgagtgg	240
	ggaaaggggt ttcccagtca catataa	267
30	<210> 207 <211> 111 <212> ADN <213> Drosophila melanogaster	
	<400> 207	
	atgcgcacaa aaaagtcaaa caaaaaggcg caatthtatt acgggcaacc aacgacgaaa	60
	caaaacaaaa gccaacggaa aagcagaaac aaagcagcaa aaagthtatg a	111

ES 2 729 402 T3

<210> 208
 <211> 216
 <212> ADN
 <213> Drosophila melanogaster

5 <400> 208

atggagcctg gctttgtttt tgttttattt ccaacccact tgagcacaca gcacacacag	60
agagaaaaat caatactcgt tatgggatta aatttacaaa gcgcaaagca aagcgacaaa	120
caaaattcaa aagaaagaaa aaaaaacact caaataaact cacaaagaat tccttatcgc	180
caagggggcc aatgttctaa ggttctttcg ccttga	216

<210> 209
 <211> 614
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 209

attcattggt cactctcaaa tctcaagttc attgccattt ttaggtctct ctataaattc	60
aaatgtttctg ttcaattcaa tgcgtcgcca gacatctggt ccctttgcat gtaagagaga	120
taaagaaagc gacaagagcc ataaagaaag gtaagactct ttgaaataga gagagataag	180
gttttctctt atcttcttct catcagatct ttgtttcttt accctctttc tttctttttt	240
ttgcttttta tggttatggt ttttctcgat ttagacaaaa accctagatt tgatcttcta	300
aagggctctca aatggaatct cttctcttct catatctctc cctctctccc tccctctctt	360
tgattctttg tcttctccag ttaaaactca gatctaacac aaagcttaaa agattctcat	420
cgtttcttgt tttctttggt tcatcttgta gatctctgaa gttggactaa ttgtgaatga	480
aagagttggg acaagagaaa cgcaaagaaa ctgacagaag agagtgagca cacaaaggca	540
attingcatat cattgcactt gcttctcttg cgtgctcact gctctttctg tcagattccg	600
gtgctgatct cttt	614

<210> 210
 <211> 422
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

15 <400> 210

	ctctgccttt agttctttct tttttggtaa tatatttatt tttcgttacg atttggtcaa	60
	aaccctagat ttgtttttcca aaagcatatc tgaaaatgaa ggacaacttt cctcttctcc	120
	ttcggttata aatattctct ccggttttgc ttgtttaacc taaaagcctc agatctaact	180
	ccaacacctt caaagtctgc ctccctttcca atcttctttc ttctgttcga tctctaactct	240
	cagaatttgt gtcggtaagg taaaggtgat aatgagtgat gactgatgag ggagttttgg	300
	gacaaatfff aagagaaacg catagaaact gacagaagag agtgagcaca caaaggcact	360
	ttgcatgttc gatgcatttg cttctcttgc gtgctcactg ctctatctgt cagattccgg	420
	ct	422
5	<210> 211 <211> 268 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 211	
	tcccacatcc aaagatagaa agatgtaagg tctagagtct tgttcttaat cccctaacag	60
	aacaatgata tatataaata aatatgggtc gatatcggtc gtggaggacg actagctacg	120
	gtttcgagcc tggtcacatg cgtagagtgt gaaaggtaat taggaggtga cagaagagag	180
	tgagcacaca tgggtggtttc ttgcatgctt ttttgattag ggtttcatgc ttgaagctat	240
	gtgtgcttac tctctctctg tcacccct	268
10	<210> 212 <211> 328 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 212	
	tcccacagcc aatgagccaa agataaagaa acacctatcc tataataatt tagagcaata	60
	tacctccata atggaacatc tatatatata aaggtatccg tatatctcta tatattatat	120
	tcattgagtt taaagtggct agggtttata gatgtatgtg atattaagag atatgaaaca	180
	tatttgtcga cggtttgagt ggtgaggaat tgatggtgac agaagagagt gagcacacat	240
	ggtggctttc ttgcatatff gaaggttcca tgcttgaagc tatgtgtgct cactctctat	300
	ccgtcaccce cttctctccc tctccctc	328
15	<210> 213 <211> 592 <212> ADN <213> Arabidopsis lyrata	
	<400> 213	

ES 2 729 402 T3

aaaaaatgac gtgtcctctt ctctctctct ctttccttct ctctaagtat atttagggtt	60
aattattagg gttctttatc tctttcttca gtctttgaag tttcttcaat agctttaatt	120
gaagtgattt acctctctgg gtgttttttag tatatatatc atgtacatga tcgaatttct	180
ttctatccaa gttctcatca aaccttctca tgttttgaag agttaaggc tttatagttt	240
gcttaggtca gatccataac atactgtatt tgacaagttt ctttgtctca cgatagatct	300
tggctcgacc aaaatgattt tctcgagaaa aaaaagatg gaagtagagc tccttgaagt	360
tcaaacgaga gttgagcagg gtaaagaaaa gctgctaagc tatggatccc ataagcccta	420
atccttataa agaaaaaaaa ggatttggtt atatggcttg catatctcag gagctttaac	480
ttgcccttta atggctttta ctcttctttg gattgaaggg agctctacat cttctttcac	540
cttctctatt tttctttctt tattttctcc tctacagtaa tttatttgga tt	592

<210> 214
 <211> 599
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 214

5

ttccaaaaca tgacgtggcc tcttctctct ctctctttcc ttctctctaa gtatgtttag	60
ggttaataat tagggttcct cctctctttt gttctgtctt tatactctct tcatagctct	120
aatgtaagag atttacctct tttgggtgtt ttgttaatcc acgttctcat caaaactttc	180
tcattgtttt atgaagagtt aaaggtcttt acagtttgct tatgtcagat ccataatata	240
tttgacaaga tactttgttt ttcgatagat cttgatctga cgatggaagt agagctcctt	300
aaagttcaaa catgagttga gcagggtaaa gaaaagctgc taagctatgg atcccataag	360
ccctaatacct tgtaaagtaa aaaaggattt ggttatatgg attgcatatc tcaggagctt	420
taacttgccc tttaatggct tttactcttc tttggattga agggagctct acatcttctt	480
tcaccttctc tattttttat ttttctttat ttctactcaa caattattta ttcggattca	540
tctttaattt tccgttataa tttctttttg gtaaggatta ttcgctataa tttgagaat	599

<210> 215
 <211> 623
 <212> ADN
 <213> Capsella rubella
 <400> 215

10

ES 2 729 402 T3

ttccaacgaa tgacgtgtac tctctctgct ctatctctct ctctaaatat gtttaggggtt	60
aattaggggtt cttcatctgt ctctctctct ctctctcttc agagtcttta tagcttcttc	120
caagatTTTT aattgaaagt aatttacctc ttttggaggt ctgtacatat agaataatcag	180
gagtcgtggt tcttttttat caaggttctc atctaaccct tatagtattt tcattagttg	240
ataaaggctc tcatagtttg cttagatcag atcttgtctt cgtcttttcg atagatcttg	300
ttctgtccaa tatacagtga ttttatttcg agagcaaaaa agatgagagg tagagctcct	360
tgaagttcaa acgagagttt agcagggtag agaaaagctg ctaagctatg gatcccataa	420
gccctaattcc ttgttaatga taaaggattt gggtatatgg cttgcatatc tcaggagctt	480
taacttgccc ttttaattgct tttactcttc tttggattga agggagctct acatcttctt	540
tgacttctct ctctattaag tctttcttta ttttcttctc tacaatagtt gttttggatc	600
ggaagatctt taagtttccc tta	623

<210> 216

<211> 612

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

5

<400> 216

tttcactttt gttctcctcc tccctttttt tcttttcagg attcttcttt tctatgtttt	60
atctttcata atagatctga taattttgat ttttactat atatattatg gtttaacta	120
gtagcttttt catttcaagt tttatccttc cattgggtct ttctgagtca aattgtctcc	180
tgtttcgaac catatataag ttttcaatgg ttttgtatta actcaagtat tcaacattat	240
gtctctcttt ttcttgcttg gatctcta atgctgtcata ttttaaagca taggttttagg	300
ttagatgcat gtaactgcca attaaaagaa ggtcaagagt tttttgattg tatgaatata	360
tgagttagtc aaagcagatc cacacgatta tatagaaaaa caaaggaaga agaagaggaa	420
gagctccttg aagttcaatg gagggtttag caggggtgaag taaagctgct aagctatgga	480
tcccataagc cttatcaa atcaatataat tgatgataag gtttttttta tggatgccat	540
atctcaggag ctttactta cccctttaat ggcttctctc ttctttggat tgaagggagc	600
tcttcatctc tc	612

<210> 217

<211> 515

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

10

<400> 217

	catcccaccc ttaattgttt tatataaacc atttctcctc ctctctccat caccttcaat	60
	ctctctcgat ctctctctgg atccccaatc tcacctccat gttttgtttg ttgattccca	120
	tcttctcttt tgtcttttca ccaaactcgtc atttaaggct tcaagaacag taacccaat	180
	tcctccacaa gagggagaga aaacaaaaga tcttccaatt ccattctcgt acatgcaa	240
	cacaatccat gccatagatt gtttctattc ctccctattt attgcttgta tctgttcatg	300
	catggaccag gtggagagag cttacttaa aaatagaatt agctatctgt ttaggcgaa	360
	ttagtttcct tacataacca tgtatatgtc atgacgcata tacatatgta gatgtatatg	420
	tattatatat gtatgcctgg ctccctgtat gccatatgt gagcccatcg agtatcgatg	480
	acctccgtgg atggcgtatg aggagccatg catat	515
	<210> 218	
	<211> 276	
5	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 218	
	actcataact ctccccaaat tcttgaccaa aaatatccgc cactttctct ctggttcatg	60
	ttttccctc aatgaaatac atacacattt tgattttatt taaatcaaga tcgacgtata	120
	agctatccac caatcatatt taagggttcc cgtatacata tatactatat atatatatgg	180
	aataatagtc gtgcctggct ccctgtatgc cacaagaaaa catcgattta gtttcaaaat	240
	cgatcactag tggcgtacag agtagtcaag catgac	276
	<210> 219	
	<211> 243	
10	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 219	
	ctctaactca tccttctctt ctatgaaaat tccattgttt ctgccgaagc tttgatcagt	60
	acttctcttt tgcttgatct cggtttttga ccagtttatt gcgtcgatca atgcattgaa	120
	agtgactaca tcgggggttcc gatttttttt gttcttcata tgatgaagcg gaaacagtaa	180
	tcaaccctgg tttagtcact ttcactgcat taatcaatgc atttgtaaaa agagggaaaa	240
	gca	243
	<210> 220	
	<211> 537	
15	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 220	

ES 2 729 402 T3

ctagaagaaa aaaccagatc tataaagttt gttattaaaa gatagagaga gaggagggat 60
 gtagtaggcc aataggcaaa tcagagaatc acaaatggta tctgggtcaag aagattcctg 120
 gttaaaactt tcatctctct gtttcctttt tctttctttg ttggattcat taatttgaca 180
 tatctctatc atcacactga ttctctttct cccagtttgt ctgcagatgc atgtgtgtaa 240
 tctagggtat atgtttttgt ccatttggtt tcataaggca ataaagatcc agctatttac 300
 tacttggttg atagattttg actgttgaat tttcagatct gatgtgtttc gtttgatccg 360
 attcggaaaa tttatgtttc gttgacattt tggagtttag ttggaagaag agtgagagtc 420
 gctggaggca gcggttcacg gatctcttcc tgtgaacaca ttaaaaatgt aaaagcatga 480
 atagatcgat aaacctctgc atccagcgtt tgcctcttgt atctttctta ttgactt 537

<210> 221
 <211> 261
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 221

ctgcatctat ccacctctct ctgtaaattt atctaaatgt ttcttttaaat ctttttgaga 60
 ttaataatga tttgtgtttg ttcatcaacc gattttctca gatctgtcaa ttatttttgt 120
 ttattttatt atgatttatg aatgaggaaa gagtgaagtc gctggaggca gcggttcacg 180
 gatcaattcc tgtgaatatt tatttttggt tacaaaagca agaatcgatc gataaacctc 240
 tgcattccagc gctgcttgct c 261

<210> 222
 <211> 481
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 222

tatcacagtt ctcatcaaat atttgaaagt atcaaacaaa aaaaggagag tgagaaaaat 60
 aaagagagag atagagagag atcatgtcca ctactcaaga gcataggtct tgattggtgg 120
 aagacaagta ccttagataa accgaccaa acccggtgga taaaatcgag ttccaacctc 180
 ttcaacgaca acgatttcaa cactctcttc caggaacaac ttctccagg cagatgatac 240
 taaagtgctg gagttcccg ttcctgagag tgagtccata tcaaatgctg cattcggtat 300
 cacttggttg aaccatttg gggattttaa tttggaggtg aaatggaacg cgtaattgat 360
 gactcctacg tggaacctct tcttaggaag agcacggtcg aagaagtaac tgcgcagtcg 420
 ttaaatacgt gatgctaaag tcgttgaaga ggacttgga cttcgatatt atccccctg 480
 t 481

<210> 223
 <211> 471
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis lyrata

<400> 223

agtaggggttg gaaaatTTTT ttacatTTTT actctaaaat agaataagagt tggagatgcc	60
cttagcagtt attagacaag ggattgtttg gccctagcga tcctctcttc actctctcac	120
ttttgtagtt caacccttct tttgcgtgag atgccatcat ggcatgacat ggttcttttg	180
ccttacgtaa aacacactca cgccaacaca cgccacataa cataaataaa ttatatatac	240
atatacgtat gtgcgtgtga gtcttccatt aatgcaatct ttgggcctat atatatatac	300
aaaccttcca taaccaaaagt tatcatacta caaaagctct ctcgtaacttg gaaatgcggg	360
tgagaatctc catgttggag aagcagggca cgtgcaaacc aacaaacacg aaatccgtct	420
catgtgtttt gcacgtactc ccttctcca acatgagctc ctgacccatt g	471

<210> 224

<211> 466

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 224

agacaagccc ccacactaaa aaaacagtaa tatggaataa aaaaaagctt tcaaaactta	60
gcagttatta gacaaggtat tgtttggccc tagctagcga tcgttttagct ctcttcactc	120
tctcactttt ttagttcaac ccttcttttg cgtgagatgc catcatggca tggatatggtt	180
cttttgccctt acgtaaaaca cactcacgcc agcacacaca cacacacaca taacatatac	240
ggatgtgcgt gtgagctagt cttccattaa tgcaatcttt gggcctatat atacaaacct	300
ttccataaacc aaagttctca tactacaaac gccctcatg tgcttggaat tgcgggtgag	360
aatctccatg ttggagaagc agggcacgtg caaaccaaca aacacgaaat ccgtctcatt	420
tgcttatttg cacgtactta acttctccaa catgagctct tcaccc	466

<210> 225

<211> 450

<212> ADN

<213> Brassica rapa

<400> 225

agacaacccc acgtttttaa ataagaaatg atgataatTT tgtggaaata aaagctagta	60
tacttttgca ataattagac aaggtattga tgctttgggc caagctagtt tcttttagca	120
ctcttcactc actagttttt cttctcagcc cttcttttgc gtgaaatgcc atcatggcat	180
ggcattgtca ttttgccctt cgtaaaacac actcacgcca acatacatta ttcataattca	240
tgtgtatgta tatgaatggt ccattaatgc aatctttggg gcctatatat acgaagctta	300
catcaccaaa gctctcatat tacaaaagct cacatatata cttggaaatg taggtgagaa	360
cctccatggt ggagaagcag ggcacgtgca aacaaaaaaa catgaaatct gtttcatatg	420
ctttgcacgt gctcccctcc tccaacatga	450

<210> 226
<211> 513
<212> ADN
<213> Carica papaya

5 <400> 226

agacaacact cctctttgtt cccttcctca cgtatccact tttgaaattt gtaatttgtg	60
tgcaccacca tgattgcatg ccatccctac ttgccttttc cccttttcct ttctctaaca	120
ttttactcaa tcttcttctc cccctcccc ccttccccct ctctgccatt ataaccataa	180
ttaaacctct ctccctctct ctccctctct ctctctctct ctctgggttc tcagtataaa	240
tgcagctctg cttatacttc cacacctata tatatatacc tgacccttct tcacctcctt	300
catccacctc ctcccttctc cccaaaactt tcttaactgt tctctgcata catatatatc	360
cacatacata tatatatata tagagagaga gtgagacaga gaggttaccg aggcaattgg	420
gtgagtagct ccctgttgga gaagcagggc acgtgcaaatt tctccatggc tttcccctct	480
ttgcacgtgc tccccttctc caacatgggt tcc	513

<210> 227
<211> 464
<212> ADN
<213> Capsella rubella

10 <400> 227

cggccacccc cacatttaac aagaaaaaaa ctgatggaat taaaagggtt gagaacttgg	60
cagttattag acaagggtata gtttggccct agcttctttt aatttagctc tctccactct	120
cacacttttc aactttcacc cttctcttgc gtgagtcgcg agatgccatc atggcatggc	180
atggcatggt tctattgcct tacgtaaaac aactcacgc caacacatac tcactataca	240
tgtaaataag tatgtgcgcg tgtgagtctt ccatccatca atgcaatctt tggggctata	300
tatatacaaa ccttttccat aaccaaagct ctcatataaa ctacaaaagg ctcaactggg	360
aaatgcgggt gagaatctcc acgttgagga agcagggcac gtgcaaacca acaaacacga	420
aaccctcctc atgtgctttg cacgtactcc ccttctccaa catg	464

<210> 228
<211> 571
<212> ADN
<213> Gossypium raimondii

15 <400> 228

gaaaacccaa gttcaggcta acaagttatc tgatgatgag atcaagaatt ttaaagtttc 60
aatatagatt tggcatgggt attggcggca gaaagcaatt aaaaaaccag ttatgtcaaa 120
ttcaaggctg tatcagttaa aatgaatgaa gatttagaaa tttcaacaag gaagaggacc 180
ccacagcttt gttaaattaa gtgtgtggtt tttataatta tcatctcgaa agtttcataa 240
tatcaattag attaaaacat ctctgaattt cataattaca aaccagatag atagatacat 300
gaaaacttag accccagaga tctgtcttta aagaatgccc acttctagac tcaatctcta 360
ttactctctt tttttctctc tctctctctt cggaaaaact tgtatataaa taaatgacac 420
tttctttgct ttctgcactc aactcatgaa cttgaaaagc tttacttgga tgggttggtt 480
gggggtgagt atctcttggt ggagaagcag ggcacgtgca agttcctatg tttaagtgaa 540
ctttgcacgt gctcccttc tccacogtga g 571

<210> 229

<211> 592

<212> ADN

<213> Medicago truncatula

<400> 229

gaagagaaaa aacctagtgt aaaatttgat atactcttta tgtatagtac gaatgttttt 60
ttaaaaaatta tgtaaaaaat gataaaataa taactaacta aattaacagt aaaattagaa 120
aagtaaaata ctatgcccaa atttgatatt tttttttata tatttgtata gattattatt 180
atttgatatg taaagtccaa ttaaaaaattt gttttaacta agatttgaac taggttttct 240
taaaagactc atcttttact tcaaatttat ttatcatttg aattcaatca ctttctaata 300
ttattattat tatttccacc atactcattg cttctgccac gttacttttag ttagatctct 360
tatgtcatat atctctctct ctctaagtt gctacctata aatactaagc ctttcccttg 420
gttggttcaa ttcaacttct acttctcatc aaacacaaag tgcaataagc ttcatttcct 480
gggtgagaag ctccttggtg gagaagcagg gcacgtgcaa atcctctttc tgattcattc 540
tctcataatg catatcaata tcttttgcac gtgctccct tctccaacta gg 592

<210> 230

<211> 520

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 230

atgcaaacc actccaacac tccacaatcc acatactctc tctctctctc tctctctgag 60
taggagtaca tgtgtgtgtg tgatatcaat atgcattcga tgttgatgct actgtagcca 120
tcttgtggct atataaacc agcaggcagc agcacagctt agctagagag ccatattgca 180
tgcacactcg ctaatctctt ttctctactc tacttgcatt acaccacctc tgcattgcac 240
ttcagttcat tcattccact gatgcatgga tcgatgttgc taccttcttc tcttctcctc 300
atgcatccat gcatcgatct cacctagctt ctctctcatc ctctctcgat cgattacaag 360
agaaaagtgt ttgctgttct tgctatcgat ctacagggtga gtaggttctt gttggagaag 420
cagggtagct gcaaaatgca caccgggttg tcgagctaata taacaagctc tgacgaccat 480
ggtgatcgaa tgcacgtgct ccccttctcc accatggcct 520

<210> 231
<211> 501
<212> ADN
<213> Arabidopsis lyrata

<400> 231

ctagggttta ggaatgacga cttgtttctg ttgtgtctta ttaaaagccc atcttcgtct 60
ccgccactca tcattccctc atcataacac catcatcacc attcaccaac ctctctctct 120
ttctctctct cctctcgatc tacaacaaaa tgtgaatctg ctaagatoga ttatcatgag 180
aattaagcta tttcagttga ggggaatgtt gtctggatcg aggatattat acatatatac 240
atgtgtatgt tgatacatgt gatcatagag agtatcctcg gaccaggctt catccccccc 300
aacatgttat tgctctgat caccatata atgtcgttac atttcatggt taattacttg 360
cacaaatcac aaaagcttgg tttgtaactt tctatgacct tttttaatga ctttgaatct 420
ttcatgcatg acttcttaag agtagattta cacatttgcg gatccgttta tgctttttgc 480
ttttgtttcg tttatatata t 501

<210> 232
<211> 484
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 232

ctaggggttta ggaatgacga cctgtttctg ttgtgtctta ttaaaagccc atcttcgtct 60
 ccgccactca tcattccctc atcataacac catcatcacc attcaccaac ctctctctct 120
 ctctctctta tcactctcta caacaaaaat ttgtgaatct gctaagatcg attatcatga 180
 ggggttaagct atttcagttg aggggaatgt tgtctggatc gaggatatta tagatatata 240
 catgtgtatg ttaatgattc aagtgatcat agagagtatc ctcggaaccag gcttcatccc 300
 cccaacatg ttattgcctc tgatcaccat ttattgttac attttttttt gttaattact 360
 tgcgcaaatt acaaaagctt ggtttttgtg atgactttga atctttcttg catggcttct 420
 taagagtaga ttacggatc cgtctatgct ttttgctttt tgtttcgttt atttgtattt 480
 aaac 484

<210> 233
 <211> 552
 <212> ADN
 <213> Brassica carinata
 <400> 233

gagatcaatg aaattatcct gccaaataaa acgtgtgacg tttattcaaa aatatatgca 60
 ttagatgctt tgatattaaa atatttcctt ttaaaagcta gctaggggtt aggaatgacg 120
 agttgtgtct tattaaagc ccttcttctc ctccgccact catcattccc tcatcataac 180
 accatcatca ccattcacc accctctctc tttctctctc tctctctctc tctctctctc 240
 tagaacaaca agtgagaatc tgctaaaata ttgtgactat tatcatgaga atgaagctat 300
 ttcagttgag ggggaatgtt tctggatcga ggatattata tatacacaaa tacgtatata 360
 tgtaataaca agtgtttgat catatatgta tatagattat tctcggaacca ggcttcatcc 420
 cccctaacat gttattgcct ctgatcacca gattctatca actcttcgct tattattttg 480
 tcacaaacaa gtaataagct cataattttc tttgagtctt tcagcatcgt ttcattatgt 540
 ttttcgaatc cg 552

<210> 234
 <211> 566
 <212> ADN
 <213> Brassica juncea
 <400> 234

gagatcaatg aaattatcct gccaaataaa acgtgtgacg tttattcaaa aatatatgca 60
 ttaaagctt tgatattaaa atatttcctt ttaaaagcta gctagggttt aggaatgacg 120
 agttgtgtct tattaaaagc ctttcttctc ctccgccact catcattccc tcatcataac 180
 accatcatca ccattcatcc acctcttctc tctctctctc ctctctctct ctctctctct 240
 ctctctctct ctctagaaca acaagtgaga atctgctaaa atattgtgat tattatcatg 300
 agaatgaagc tatttcagtt gaggggaatg ttgtctggat cgaggatatt atatatacac 360
 aaatatgtat atatatgtta atatcagtggt ttgatcatat atatgtatat agattattct 420
 cggaccaggc ttcattcccc ctaacatggt attgcctctg atcaccagat tctatcaact 480
 cttagcttat tatttgtcac aaacaagtaa taagctcaat aatgtctttg agtctttcag 540
 catcgtttca tatgttttgc aatccg 566

<210> 235
 <211> 549
 <212> ADN
 <213> Brassica napus

5

<400> 235

gatatcaatg aaattatcct gccaaataaa acgtgtgacg tttattcaaa aatatatgct 60
 ttaaagctt tcatattaaa atatttcctt ttaaaagcta gctagggttt aggaatgacg 120
 agttgtgtct tattaaaagc ctttcttctc ctccgccact catcattccc tcatcataac 180
 accatcatca ccattcacc acctctctc tttctctctc tctctctctc tctctctctc 240
 tagaacaaca agtgagaatc tgctaaaata ttgtgactat tatcatgaga atgaagctat 300
 ttcagttgag gggaatgttg tctggatcga ggatattata tatacacaaa tacgtatata 360
 tgataatata agtgtttgat catatatgta tatagattat tctcggacca ggcttcatcc 420
 cccctaacat gttattgcct ctgatcacca gattctatca actcttcgct tattatttgt 480
 cacaacaag taataagctc aataatgtct ttgagctttt cagcatcggt tcatatgttt 540
 tcgaatccg 549

<210> 236
 <211> 543
 <212> ADN
 <213> Brassica oleracea

10

<400> 236

gggatcaatg aaaattatcc tgccaaataa aaacgtgtga cgtttatcca aaaatatatg 60
 cattaaatgc tgtgatatga agtatttcct ttaaaagcta gctagggttt aggaattacg 120
 agttgtgttt tattaaaagc ctttcttctc ctccgccact catcattccc tcatcataac 180

accatcatca ccattcaccc acctctctc tttctctctc tctctctctc tctctagaac 240
aacaagtgag aatctgctaa aatattgtga ctattatcat gagaatgaag ctatttcagt 300
tgaggggaat gttgtctgga tctaggatat tatatatata caagtacgta tatatgttaa 360
tacaagtgtt tgatcatata tgtatataga ttattctcgg accaggcttc atcccccta 420
acatgttatt gcctctgac accagattct atcaactctt cgcttattat ttgtcacaaa 480
caagtagtaa gctcaataat gtctttgagc ctttcagcat cgtttcatat gttttcgaat 540
ccg 543

<210> 237
<211> 566
<212> ADN
<213> Brassica rapa
<400> 237

gagatcaatg aaattatcct gccaaataaa acgtgtgacg tttattcaaa aatatatgca 60
ttaaatgctt tgatattaaa atatttcctt ttaaaagcta gctagggttt aggaatgacg 120
agttgtgtct tattaanaagc ccttctctc ctccgccact catcattccc tcatcataac 180
accatcatca ccattcatcc acctctctc tcctctctct ctctctctct ctctctctct 240
ctctctctct ctctagaaca acaagtgaga atctgctaaa atattgtgat tattatcatg 300
agaatgaagc tatttcagtt gaggggaatg ttgtctggat cgaggatatt atatatacac 360
aaatatgtat atatatgtta atatcagtggt ttgatcatat atatgtatat agattattct 420
cggaccaggc ttcaccccc ctaacatggt attgcctctg atcaccagat tctatcaact 480
cttagcttat tatttgtcac aaacaagtaa taagctcaat aatgtctttg agtctttcag 540
catcgtttca tatgttttcg aatccg 566

<210> 238
<211> 414
<212> ADN
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 238

catcatcacc actcacttat cttcttctcc atctctctct ctgcttctcc cttaattctta 60
gccgggtctc gtgggggacg aacatagaaa gagagagata taaagatata tattcagaaa 120
ccctagattc tataatttcg actgaaaaga aaaaggggct ttctcttttg aggggactgt 180
tgtctggctc gaggactctg gctcgctcta ttcatgttgg atctctttcg atctaacaat 240
cgaattgaac cttcagattt cagatttgat tagggtttta gcgtcttcgg accaggcttc 300
attccccca attgttgctc cctgtttact ccatatttct tccttctttt caaattaggg 360
tttcagatcc agtgaatgaa cccttggtta aggtttgatc tcttacctta cttt 414

<210> 239
<211> 328

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 239

tctcatcatt ctcttcatca tcaccacatt catctctctc tctctctctc tctctctctc	60
tttctcttcc ttgatcttag ccggatctgt tgggggacga acacatgaga gatagataaa	120
atataagaaa tttctcgaaa aaaccttaata gaaaaagggtc tgtttcttaa agaagaagaa	180
gaagaggatt taaagaggga tttttctttt gaggggactg ttgtctggct cgaggactct	240
tattctaata caatctcatt tgaatacatt cagatctgat gattgattag ggttttagtg	300
tcgtcggacc aggcttcatt ccccccaa	328

5

<210> 240

<211> 192

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 240

tgatgaacag aaaaatctct ctttctcttt cttgatctgc tacggtgaag tctatggtgc	60
accggcatct gatgaagctg ccagcatgat ctaattagct ttctttatcc tttgttgtgt	120
ttcatgacga tggttaagag atcagtctcg attagatcat gttcgcagtt tcacccgttg	180
actgtcgcac cc	192

10

<210> 241

<211> 846

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

15

<400> 241

aaccacaaag taccgctgct attttctttt tacgtctttg tatttgcac gtctaagaga 60
atgatgggtt gttttgtggg attttaatgc aggaggaaac atatgagggg tgattaaggc 120
aaaaacctta agatgtgggc atttagatac atggagtcaa actaagaatg gaccttggcg 180
aaagcttctt cacggtcaag atttaaaatc aggtacgaca ctgtgtacgt gagagagaga 240
gagagagaga gaaagagatt atagaaagaa agagatgtat cacaataaag gagtatatatt 300
agggtcacag gtgggtggaga tataggtatg cagggccaag gctctaattct cttcatagcc 360
ctattgattt tgtccctctc tctctctctt tcttcctctc ttagctgtat gcattatgat 420
gcgtctttta attcactgtt tcaggcttct ttaattcgtg gtgtctctct cctttttacc 480
caaccatctc ttaaaatttt taacatctgt tcctcaaac cctctctc cttttctata 540
agtatctata gcgcctctta aaccacaaag catcacctct gtcttctctc atctcctttc 600
tgtattctct ttcattgcct tcacgtctgt tgcaatttct ccaattcttg agcttccgtt 660
ttttacaatt attgatccgt caaatatgtg agatttgcac aacttggtgc tcaggatattt 720
tgaagacaag tccacaaggg aacaagtga gctgccagca tgatctatct ttggttaaga 780
gatgaatgtg gaaacatatt gcttaaacc aagctaggtc atgctctgac agcctcactc 840
cttcct 846

<210> 242

<211> 571

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 242

gagcaagaca atgccacata caaacttgaa agatctcttc atcttttctc caaatgtttt 60
tttttcgttt gctatttatc tccacaattc ttggaacaaa aactacattc acaaacgaga 120
gaattttcac aacacctctt ttgctctcat tttttttttt tcgtccatta tgagtattaa 180
ttatggttag ggaatcttac agaatgaaaa tgaagggtgtg aatggattgt ctcatctaaa 240
gccttgaatg tgggaaaaag gccattgttg ttcagccaag gatgacttgc cggtagcttg 300
tattatgatt actctatatt cgatttatat tatggagatg atggtttata tatatttact 360
tatctacata gtttttagttg attttttttc gtacgtaata taatacgaag aagtatttac 420
ttattttatat atgtgtgttg gggcaagaag tgtaaccaag ctagcccggc aagtcacta 480
tggtatgca actgtctctt cctctcattc taggcttacg atgacacgta aaaaatccca 540
aatatcacta atatgatatg aatatggatg a 571

<210> 243

<211> 241

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 243

ES 2 729 402 T3

aggcatgaga cataaagaga gttaaataata atgaagaaga gaggtctaata atggcgaaaa	60
gagtcattggt taatagccaa ggatgacttg cctgatcttt ttcacctcca tgattcaatt	120
tttaagttcgt ggatttttga ttattatgcg tttaaaagggt ataataattt gagatcatgt	180
tgaatcttgc gggtttaggtt tcaggcagtc tctttggcta tcttgacatg ctttcttcat	240
c	241

<210> 244
 <211> 689
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 244

5

gaattttgat ttatgaacct cctcaagaag gaaagacaga ggaggagaca aagaagtata	60
ggttcacatt gcatagccag tttagttttg aaggatggat atatgaaaaa aatatgaaga	120
gagagaagag agaagaagag gaggattaaa gagggtagag ccagcttttg tgctttggta	180
gtagatgagg tttaaatgct ccataccttc catttccttc tctcttacc taatttaatt	240
cttcctctcc ttataaactc cccacagaca ttctcacttc tctcctcac acttcacatc	300
aacacttctt tcttggtttt tcattttaca atgtttcctt tgatatccgc actttaagca	360
tgagagagtc cctttgatat tggcctgggt cactcagatc ttacctgacc acacacgtag	420
atatacatta ttctctctag attatctgat tgagccgcgc caatatctca gtactctctc	480
gtctctatct tggactttgt ggtctttag atcgatttgt atgtgtgtgt tgaaatggag	540
acaagtactt gtaacttctt tgttgttata ttgtttacct ataggctgat gtcataaact	600
cttttgatct tgtttctaac ttccagattc ttgaaaaatc aagtcgtgtg tgtgtctcca	660
tggaagcctt ttccatttct tcctttcca	689

<210> 245
 <211> 452
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 245

10

actcataaac tttgctactg gccgcatttc tattttctcc ttcgattctt ctaattcgta	60
ctttgggttc tgacgtccct aaaattttta gacagtaaga gtttctccag gatccgatgg	120
ttctctccgg taaattaaca ttttagtgtc aatagtcatt tatacatatt tttatttcac	180
tttttggttt gtttattggt tttctggagc taagtggaga ttatagtcga acaagagtgg	240
ttttatgcaa ggtaacgcga gatatttagtg cggttcaatc aaatagtcgt cctcttaact	300
catggagAAC ggtgttggtc gattgagccg tgccaatatc acgcggtaaa ccaaaaatgg	360
caaagatagt tattataacc ttaaaggat gtatcattat cgttttattg tttcaatttt	420
gattaatggc tttgatattt catttttttt tt	452

ES 2 729 402 T3

<210> 246
 <211> 767
 <212> ADN
 <213> Medicago truncatula

5

<400> 246

```
attggtcaaa catacataca gtagcactag ctggtttcat tattccacta tgcttcttca      60
taggctctcc aaattttgca aaattgaaag agacatagta tatatatctt agcaaggaga      120
aattcaggat attgaggatg aagattgaag agtaatcagt gatgaagaaa gcaagcaagg      180
tattggcgcg cctcaatttg aatacatggc tataaaaaatg catcatatca gccatgtagt      240
ttgattgagc cgcgtcaata tcttgtttcc atctccaaat ttaccaatct catcaaata      300
aattaacacc acaatcaagg ctttcattta atgcagtcaa aatagggtga ctttatcatc      360
gaagaaattg ttttctcatt cctatcgaag ttggacttgc cgaaaatgct cgaaagcatg      420

tgtttttagtt cgacaggcga aaaagttacc gaaggacaat ttggttgtgg ttcggataag      480
atcaagcaac ggatattttc aagacacggt cgaaattcaa atcaaatgga taagtatcgt      540
tagtttactg cagttatagt tttaaattca aatctaggca gttgtttcta tttgtataaa      600
tagtagtttt tccctaggga aaaggggtcg caattcaatc atacaaaaaa cttacaatca      660
aattatccgc atggaagaga gaaacgagtc acaagttgca atgtatgaac atgtgtacca      720
atttacattc aatcagtaca atttaagttc atttccataa aaaaaaa      767
```

<210> 247
 <211> 854
 <212> ADN
 <213> Zea mays

10

<400> 247

accaggggta ggtatccatc cacacagcaa tgcattctgcc ttcaactccc tctcgccccc 60
 caccccaaca cacatctctc tcttttctag ggaaggaaat gacgaagggg acgacgacgg 120
 catgcttcgg ctagctcggt ggtgctagga caagggcgga ggtattggcg cgcctcaatc 180
 cgaaggcgtg gctgatagat tggcgcgga gccatgttct tggattgagc cgcgtcaata 240
 tctccccttg cctgtcccggt acctagctag cttgcttgcc tcaatgatcg atgtcgtccc 300
 tatttcatgg agaagctgat gattgattat tctcacaagc aagaactgtc tgatctgttg 360
 cctgcatcga tcaggatcta tatgctggag agttcacaag aacatggaca gaactcgctt 420
 caacaaccga tcaatcgatt gattaggtat gtacctacct catatgcctc agctcttcgt 480
 tatggatttc ttcaaccgaa gggtcagtaa gctcttggtt ccatgccact gcgtgaacta 540
 agcgttcaca aaatccgttc cmcgcatga accaagcact caaaatcgca tgcagcatct 600
 ttcgtttcaa aaaaaattg acttytgaaa acaatagatg aatcagtttc aaacatatat 660
 gattatccat tttctcaacc ggaatttat atctcgttgg gatgcaaac cggttcagtag 720
 taaaactact ccacgagtat aaactgttct agttatttta ctattaatta gttacccgta 780
 tgctgttatg gtttctatat atctataagt aaaccttact taaataagat agttatacaa 840
 aaaaaaaaaa aaaa 854

<210> 248

<211> 660

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 248

caagaaaaaa cattgaaata gctcatgttg tctctttctc attttcatat ctgctaaaaa 60
 aagaaccgtg ttttctaaac tggtttaacg gtaagtacct gtctctagta acttacctat 120
 caatttgctc caatcattta cttgctttga cttatttggt ttccctttgt tttgtttttc 180
 tttaatatgt ggatggagtt tgggtgaata agcaactgaa gagtcgatga gcgcactatc 240
 ggacatcaaa tacgagatat tgggtgcggtt caatcagaaa accgtactct tttgttttaa 300
 agatcggttt atttgattga gccgtgccaa tatcacgctg ttaaatagtt taaagattct 360
 atgttagttg atgtgatcaa tcaaggatat aatctatatc aattctctta tgcatagttt 420
 tatatttaca gagatgaggt attatcaatg tctatcgctg aggatcacgc tcttacttat 480
 gttatatattc tatataattt tattaattag ttttctaaaa gagaaggaca atttaaaatt 540
 attttaaaaga gtttttttta agtagttttg ttttcatggt tatcttctgc aggctctgaa 600
 gttaggatag taacaagaaa aaagacagaa aaaaagaaga aaattcatat acattcgtga 660

<210> 249

<211> 225

<212> ADN
<213> *Medicago truncatula*

<400> 249

gaataagtga atattatcga tatttatatc atatatcaac ttttcttctg tgcttgcttg	60
caaatttgca attaaagcttt ttgatctta tgtaagagaa tattattgat gatgggtgtt	120
gggaagccga aaaaagcgat gttggtgagg ttcaatccga agacggattt acatgtatag	180
agttgtaaaa tacgatctca gattgagccg cgccaatatc acttt	225

5 <210> 250
<211> 367
<212> ADN
<213> *Medicago truncatula*

<400> 250

ccacaaaact ataactagct agaagcttta atcgcttat ttattataat aataataata	60
aatatggctt cagctgcaaa agtatcatg gcgtgatatt gatccggctc atctatatct	120
tcaagttcaa tcatccatat tcatatcaat ttcagacgag ccgaatcaat atcactcttg	180
tttgcttcat tgcataattaa ttatatactt catttataag ttatagtttg ccatatatat	240
attagattga ttctgcagaa gtagacagga gtggtgttgt ttctgctcat cttattaaat	300
aatgaatgaa tgaatgacat ttgcttactt ataagacgag ccgaatcaat atcactccag	360

10	tacacct	367
----	---------	-----

<210> 251
<211> 712
<212> ADN
<213> *Arabidopsis thaliana*

15 <400> 251

ctctctctct ctctctctct catctgtgtt ctagatctca ccaggtcttt ctctggttaa	60
tatatggctt ccaagatctg gtaatatgtt ataaatacgt catacttaag cttttttcaa	120
atcaaaaata gaaatttctg ggtttgtctc gttttactat tttagcagta tatattaaga	180
agttcagatg ttattcgatc atctgttttt gcttcccctc tgccatcttt atcttttagg	240
gtttcaattc tttttcactt ttttcttctg gtttgagat ggtaggttc caactaagta	300
tacgagatta aatttgacat cttagttact tcaaaattcc ttcaatcaaa acaagtcac	360
tcgactattc cgccatgttt gtatatacat atttatatat tatatatatg aaggtagcag	420
tttctagtgt ctataaatta agaaggttta gtaccatata gatgatattt gttaagtagt	480
aagtcactca aagtttgagt ttgggtttga gtttgagttt gagtttgagt ttgagagaca	540
aaagattact acaagaagat tgttaaacia aaatggaaga ctaatttccg gagccacggt	600
cgttgttggc tgctgtggca tcatcaagat tcacatctgt tgatggacgg tgggtgattca	660
ctctccacaa agttctctat gaaaatgaga atcttgatga tgctgcatcg gc	712

<210> 252
 <211> 714
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

5

<400> 252

acttgcacct ctcactccct ttctctaact agtcttgtgt gcacccattt atgtgtacgt	60
actattatct cataaataaa tatttttaaa attagatgca tttattgata tgaaaaagtt	120
acaagattag tttgttgtgt gtgagacttt ggatcgacag atcgaaaaat taactaaccg	180
gtcagtattg aatatcaact attatatgct ccatgcattc gcttatagtt tcacacaatt	240
tgttttcttc acggtctaaa atcagaagat tccatatatt ttcttatgac gtaaaaggac	300
cacttataag ttgacacgtc agcccttgga ttcgtgaggt ttttctctct acttcaccta	360
tctacttttc ctcatatccc actgcttttc tccttcttgt tcttgttttt ctcgtttttt	420
tcttcttctt ctccaagaaa atagagatcg aaaagattag atctattttg tgtagcaaga	480
aattatcatt ttcgtttctt cattcatata ttgttctatt atgttgtaca ataatagata	540
ctcgatctct tgtgctgctg taaattttat acaagttgtc ggcggatcca tggaagaaag	600
ctcatctgtc gttgtttgta ggcgcagcac cattaagatt cacatggaaa ttgataaata	660
ccctaaatta gggttttgat atgtatatga gaatcttgat gatgctgcat caac	714

<210> 253
 <211> 324
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

10

<400> 253

tcaccaaata ggctcttctt tatcgcttca tatatataaa agtctacatc tatctctttc	60
taggtcacta gctagactct agattaagga ttgaaattag ggtttcatgt ttccagcaaa	120
atggtgccgt cttgagtctt gaaaagatcc aagacaaaac caaatcacta catacatccc	180
tatcatcaac cagctactgt tcgctgttgg agcatcatca agattcacia atcatcaagt	240
attcgtgtaa ataaacccat ttatgattag atttttgatg tatgtatgag aatcttgatg	300
atgctgcagc tgcaatcagt ggct	324

<210> 254
 <211> 531
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

15

<400> 254

tgtcatattg agaactcttt agcctttggc ttctgttcct gacacttgta tagtgaagtg 60
 ggcttgtgtt atatagatgg gatctctctc tttattttaa agtcaattag agatcttgat 120
 gctacttctg tccctttcca agtgatttta cgtcgaccaa ctagcttttt tcatatgagt 180
 gtatatattc atgtacctat ctctctcaat tgcttctcac caaaatcatc ttgctgattc 240
 atttgctgtc tgaatcctct tgctttcctc tttgcttttt catttggtga tttaaacat 300
 gggagttccc aacttttagac ctcgaaaccg ataaggatct ttctctgcgg ttgaaatagc 360
 taggttctcg atgaataggc tagcctttgg tggatgttat cagccagtag tcgcagatgc 420
 agcaccatta agattcacia gagatgtggt tccctttgct ttcgcctctc gatccgcaga 480
 aaagggttcc ttatcgagtg ggaatcttga tgatgctgca tcagcaaata c 531

<210> 255
 <211> 618
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis cebennensis
 <400> 255

5

ttgtatccat agtgtatttc ctgcaccta ccatccattt tctacgcctc tctctctctc 60
 tttctccatc aaatcttggt ttgttcaaac tctctctctc atcaattctc tccatacaat 120
 acatgcatac atacatacat accatctcta atatttcatc aatcttcttt tgttccaaac 180
 gctctttctc tccatttaca tacatacgaa tcattgttgt catagatccg tttagaattg 240
 ctttaacttt tagatgagat ctagggtttc tttctttttc ttcaaaatca tgctttttcg 300
 cttgctaggt tatagatcca tgtaagttta gagtagatgt acacacacac gctcggacac 360
 ttattaaata catgttgata cacttaatac tcgctgtttt gaattgatgt tgtaggaata 420
 tataaatgta gagagagctt ccttgagtcc attcacaggt cggatatgat ccaattagct 480
 tccgactcat tcatccaaat accgagtcgc caaaattcaa attagactcg ttaaatgaat 540
 gaatgatgcg gtagacaaat tggatcattg attctctttg attggactga agggagctcc 600
 ctctctcttc tgtattcc 618

<210> 256
 <211> 660
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis halleri
 <400> 256

10

ES 2 729 402 T3

ttgtatccat agtgtatttc ctcgcatcta ccatccattt tctacgcctc actctctctt	60
tctccatcaa atcttgTTTT gatcaaaactc tctctctctc tctctcatca attgtctcca	120
tacaatacat acataccatc atctttccca tctctaatat ttcacatcaatc ttcttttgtt	180
caaacgctct tcctctccat atacatatatac atacatacga atcacattgg tgatcatagat	240
ccgttttagaa ttgctttaac ttttagatga gatctagggt ttctttgttt ctttcgtttt	300
cttcaaattt tgctgcatat tctccaagat catgattttt cgcttgctag gttatagatc	360
catgcaaata tagagtagat ttacacacac acacgctcgg acacttatta catacatgtt	420
gatacactta atactcgctg tttttaattg atgttgtagg aatatatata tgtagagaga	480
gcttccttga gtccattcac aggtcgtag atgatccaat tagcttccga ctcatcctc	540
caaataccga gtcgcaaaaa ttcgaactag actcgttaaa tgaatgaatg atgcggtaga	600
caaattggat cattgattct ctttgattgg actgaaggga gctccctctc tcttctgtat	660

<210> 257

<211> 632

<212> ADN

<213> Arabidopsis lyrata

5

<400> 257

ttgtatccat agtgtatttc ctcgcatcta ccatccattt tctacgcctc tctctttctc	60
catcaaactc tgTTTTgttc caactctctc tctcatcaat tcattccata caatacatgc	120
atacatacat accatcatca tcttttccca tctctaatat ttcacagtc ttcttttgtt	180
acaaacgctc tttctcgcca tatacatata taagaatcat tggtgtcata gatccgttta	240
gaattgcttt aactttttaga tgagatctag gggttctttc tttttcttca atttttgctg	300
catattcttc aaaatcatga tttttcgctt gctaggttat agatccatgc aaatatagag	360
tagatgtaca cacattcacg ctcgacact tattacatac atgttgatac acttaatact	420
cgctgttttg aatggatgtt gtaggaatat atatgtagag agagcttcct tgagtccatt	480
cacaggctgt gatatgatcc aattagcttc cgactcattc atccaaatac cgagtcgcca	540
aaattcgaac tagactcgtt aaatgaatga atgatgcggg agacaaattg gatcattgat	600
tctctttgat tggactgaag ggagctccct ct	632

<210> 258

<211> 646

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

10

<400> 258

ES 2 729 402 T3

ttgtatccgc agtgtatttc ctgcaccta ccacccctt tctacgcctc tctccctctc	60
tctctttctc catcaaactc tgttttggtc aaactctctc tctctcatct attctctcca	120
tacaatacat gaataacat acataccatc atctctcttt cccatctcta gtttttcac	180
aatcttctga tgttccaaac gctctatctc ttcataatca tacatacgaa tatattattg	240
ttgtcataga tccatttaga atcactttag ctttttagatg agatctaggg tttctttggt	300
ttctttcaaa ttttggtgca tattcttcta aatcatgggt tttcgcttgc taggttatag	360
atccatgcaa atatggagta gatgtacaaa cacacgctcg gacgcatatt acacatgttc	420
atacacttaa tactcgctgt tttgaattga tgttttagga atatatatgt agagagagct	480
tccttgagtc cattcacagg tcgtgatatg attcaattag cttccgactc attcatcaa	540
ataccgagtc gccaaaattc aaactagact cgtaaataga atgaatgatg cggtagacaa	600
attggatcat tgattctctt tgattggact gaaggagct ccctct	646

<210> 259
 <211> 660
 <212> ADN
 <213> Brassica rapa

5

<400> 259

ttgtatccat tgtgtatttc cttgcatcca tcaataaatt ttatgttacg cctctctatt	60
atttctctct acatcacact gtcttatgtt taagctctac ttctcagcaa ttctctccac	120
ccaatacatg catacatacc atcatcgtat cgtcttaatt tttctatcaa tcttgatcc	180
ttccacaaat tatcttatgt ctcccatctt aaatcctaca tagatccaca catacgaatt	240
attcttgtct gaagatccat ccatttacga ttgctttaac ttttacatga gatctagggc	300
ttctttatct tttctcaaat cttgctgcat atatttcaag atcatgcttt tcggttgct	360
agggttctag atccatggat gtatagcgta catacataca cgcactaatt catacctgta	420
gtttgtacgg agaacatcat aaaatatcac tgtttggaat taatcgtgta ggaaatatag	480
ataggtaggg agcttccttt agtcattca cagatcatga tatgatccaa ttagcttccg	540
actattcat ccaaataccg agtcacgaaa atttcaactt agactcgtta aatgaatgaa	600
tgatgcggta aacaaattgg atcattgatt ctctctgatt ggactgaagg gagctccctc	660

<210> 260
 <211> 932
 <212> ADN
 <213> Carica papaya

10

<400> 260

ES 2 729 402 T3

ctatatccct gtcaaatagt acttgggtttt gtttttagcca caaatcttct ggtcttgcaa	60
agttccttct gatctctccc cctttctcat tttttcctcc tcttatatat ggatcatcaa	120
tttgctgtac acacacacac atttactgta gtgataatta gctagctaatt ttgttagtat	180
gtaaattaga tcccaagtac cctgttatat ttttttaggc ttatcctatg catacctgat	240
agtacaagaa cttagtttgt aattaggtac ttggtagtag ggtagatta attactgtct	300
tgaagagaa cttatccaac aaatagagct atgaagatta aattaggttt tagtcttatt	360
aagattatta tattactaga caaaaacagt taaatTTTTT taattgggta attaggtact	420
tagcaatagg gttagattaa ttactgtttt gaaagagaac ctacctaca atagagttga	480
aatgattatg ttttagtctt actaagattg tcatatTTTt ggaaaaaac aaatcttgaa	540
acagataatt cagatagtca tgatcaatgg aaaaaacatc atgggtgtgt gcttaattaa	600
gctaatatat atatatatga agatataatg ttatgcacac tagctatgaa tttgtaagaa	660
taatgaagga taaagatgat atatttagat gttataagtg taagtaagggt ggaatgggtt	720
gatgggtagt agtagtagta gtagagatga ttgggtggaga gagcttcctt cagccactc	780
atggatgggt atgaaggggt agaagtagct gccgactcat tcattcagcc actcagtatg	840
taaactcgtc ccactgttga ctgtatgaat gatgcgggag atatTTTTTt atccatcttt	900
ctctgtgctt ggactgaagg gagctccttc tt	932

<210> 261

<211> 702

<212> ADN

<213> Capsella rubella

5

<400> 261

ttgtatccat agtgtatttc ctgcaccta ccatctacta ttttctacgc ctctctctct	60
ttatccctct atctcttttct tcatcaaac ttcttttggt caaagtctct ctcatcattt	120
ttctctatac acatacatgc atccacatac atacatacat ataccatcat cttcttttct	180
catctctagt ttttgtttat aaattttggt ccaaggatct gtatctctcc aataaagata	240
catacaaatt attgttgtca tagatctatt agaattgctt taacttttat atgagatcta	300
ggatttcttc cttttctttc aaaatttgct gcatatTTTT caaatcatg atttatcgct	360
tgctagggtc tagatccatg caaatttaga gtatTTTTTt acacacacac gcttggacac	420
aagtacatac atgtagtttt cttttatgtg gtgaaaagta cataacatgt agtttatagt	480
tactagtcgc tatataaattt aaaattgatg ttataggaat atatgtacgg agagagcttc	540
cttgagtcca ttcacaggtc gtgatatgat ccaattagct tccgactcat tcatccaaat	600
accgagtctc accaaaattg gaacaagact tgtaaataga atgaatgatg cggtagacaa	660
attggatcat tgattctctt tgattggact gaaggagct cc	702

<210> 262

ES 2 729 402 T3

<211> 767
<212> ADN
<213> Eucalyptus grandis
<400> 262

tcgttttccca	tccccatttc	atagaataat	gccaccaaac	aaagaagcat	tagctcaaag	60
actaattacc	atctgtttta	ttgatagata	cgtgcgaaac	ggtgattgtt	ttttcccaaa	120
taagaaacca	aaatgaagca	tattcaaag	tggagatatg	gggagacttc	cggaaggcaa	180
ggggattgga	aaaggctcga	gatcaaagt	catagcaacc	cttcgctaaa	ggtgaaaaag	240
aatacgaata	acttcagtag	ctcactttta	attccgaaac	attaaacaaa	tcaaatctcc	300
ctcgccctcc	ttgcctcctc	tctttacct	tataaagcca	ccgccccttc	aatgaaatcc	360
acgagtggaa	ggtcacagta	tagtaggggt	ctgcaaagg	agagcgagag	cggtccact	420
gtctacctat	aagcagttcc	tttcttttgt	ttacatgtct	gttgcacctc	accgagtttt	480
tctattctct	ttcctctggt	tgggttagcag	atttctcagg	ggacttcctc	cctcccttga	540
ggatccttct	cttgaagcga	tatgtctcga	atgggtaaga	gagagagagg	aagggagctt	600
tcttcagtcc	acccatggga	cgtgttgggt	tttaattagc	tgccgactca	ttcatccaaa	660
taccgagcga	gagcaagtaa	cagagctccg	taaatgaatg	gatgatgcgg	gagtcttggt	720
gattcccaag	ctttccgtga	ttggactgaa	gggagctccc	tctatct		767

<210> 263
<211> 612
<212> ADN
<213> *Gossypium raimondii*

<400> 263						
gcgtatcctt	ccacttacgg	attcaccata	gctgctatag	cccgagtttg	cttgtcataa	60
tagaaataaa	ctaagggaga	aaaaagctct	ccactctcgc	ctttttcttc	ttcgagtctc	120
tctctttgac	tggcctttgt	gcaaagatct	tcctttttta	aacagtcgct	ttctttactc	180
tccctttccc	ttctttctct	taattgctaa	agcagcttcc	acttccactc	actttaaccc	240
atgatccatt	tcaacctgtc	acagtggaga	gcaatttgta	tggctaattt	ccatctcacc	300
tattcttttc	tgtttggggg	tctctagtct	agggttgcat	gacatgagag	acatgggtct	360
tttttttttt	tttcagttca	cagggtgtta	tatatgttgt	tgtgttattt	tgtcttaaag	420
ctttgtgatt	gatgatctga	taggtaagag	agagctttct	tcagtccact	catgggatgg	480
ggatgggggt	taattagctg	ccgactcatt	catccaaata	ctgtgttaca	aaaccagta	540
aatgagtga	tgatgcggga	gacaaattga	atcctaattct	tcctgtgctt	ggactgaagg	600
gagctccctc	cc					612

<210> 264
<211> 675
<212> ADN
<213> *Medicago truncatula*

<400> 264

atztatccaa tcatgttgct ctcacttctt ttcagcagtt ctgttgatat caccctttta	60
gttgaagctt tggattcatg actttatgag atggtaaatac tttaaattaa gtttaagtat	120
gcacttgatt tgtttatata atttgtttat ttagatttta aaccctaagt tgactttttt	180
aatttgattt aaattatgat atgattgtta tttggcttac catggtcata atttaggggt	240
tagaagatgc atgtatatct tgaattgttt atggtaataa aggggtagg atttctcctt	300
ttggtgaagt gagaaaatct cataattttg ttctgaaggt agtttttaag atttaggggt	360
atgggttctt tgtttgaatg ctttttcaag tctttttcaa tgatatttg ctagatctgt	420
tttaattttg aattaaaatt ctgggtttgg attaataatta ttgaagatta ttattaatta	480
atztattaga aatagatgaa gagagcttcc ttcagtccac tcatggaagg gtaaggggtt	540
tgaatttacc tgctgactca ttgattcaaa cacaatagac aattatgggg ttatgctatt	600
gtgaattgtg tgaatgatgc aggaggtgaa tttcttcctt ttcttctttg cttggactga	660
agggagtctc ccttt	675

<210> 265

<211> 866

<212> ADN

<213> Oryza sativa

<400> 265

ttatatctga cgcgttgtaa tcctgtttta ttagggcttt gccatttct tttgaccct	60
tccggacatt cgctagttgg aaccttgttt tactcctagc agtgtactgt gtagtactta	120
ttacgagcaa acgtaaaaat aaataaatgg aaatgataca aaggccgtgt ttaattttta	180
aatttttttt caaactttca aacttttaca tcccataaaa agcttactat acatacaaac	240
ttccaacctt ttcgtcacat cgtatctaata ttcaactaaa cttttaattt tagcgtgaac	300
taaacacagc cgaagcccgg ccacattctc actattttta ttcattttat catgcctgtg	360
atgtcacgcc ttggccctat ttaataggcc ttctccattt ctctccatat gatgtcttct	420
cttctctatc cctcttgcca tcttctatct tccctcttgc acccatcttt gtgataactt	480
ctactagctc ctctcctact accagtcata ccactctcac aaatcctcca agatccgcac	540
ggggagaagc tccaaaagtt tcgtgggttag tttaatttca tgcttggttg ctgccgtttt	600
tcatgttgat ctgatcttaa tatatgtaga ctgctgttaa catattcttt taatttgatg	660
gaagaagcga tcgatggatg gaagagagcg atccttcagt ccactcatgg gcgggtgctag	720
ggtcgaatta gctgccgact cattcaccca caatgccaa caagaaacgc ttgagatagc	780
gaagcttagc agatgagtga atgaagcggg agagtaacgt tccgatctcg cgccgtcttt	840
gcttggactg aagggtgctc cctcct	866

<210> 266

ES 2 729 402 T3

<211> 801
<212> ADN
<213> Physcomitrella patens

<400> 266

tgggatccac	acgagtaatt	attccctctc	tcatgcatca	caacttggac	ttgcccagct	60
tttacctctc	tccatgttcc	accgtcggag	atcctcgggtg	ctgctacccc	cgttcggcca	120
aaccaaaccc	aaccctaggt	gtctgccgga	cctccgcttc	ccctcctgct	tcaccccctg	180
caccgcttaa	atttgcacct	cgtagtattt	atctatgccc	catttcagat	gacttgcattg	240
acacccatct	ggattcgtct	ccaggcgcct	tgtcgtatct	attcgtatct	agtctttctt	300
tcagtctgtc	tttctgcaa	gcacaccgtg	ctggtggtgg	tgctatcagt	cgaagcagtc	360
gccgaagggt	ccttgtatcc	agccctcacc	ggagacagtt	cgcttcgggg	tggggagAAC	420
tgttgagacc	gtcgtatgtt	catgcagcag	cactggcgaa	ggtgcttctg	atactgggta	480
ttccagcctc	gccgctcggg	gcactgcagg	tacgtgggta	catgacacta	ctgtgtgggt	540
agtctgggca	caagtagatc	gacatgccag	atttggcccg	tatgcgtgta	tgtgcgggta	600
tgttcccgtt	tcgattgcgg	ataccttgat	tgtggagctc	cgtttcgggc	caatagtggc	660
tgcgacggaa	ggtggtcccg	ctgccgaatc	acacgtccgg	gttgcttatc	ggggcagggc	720
cccgatacgg	tatccgaacg	tttgtcccg	gaactggtcg	accttcgcc	cggcgtctct	780
5	tggactgaag	ggagctccac	t			801

<210> 267
<211> 819
<212> ADN
<213> Thellungiella halophila

<400> 267

ttttatacaa	ataatgttcg	ataaactaa	accctagcca	tccaactaat	agacaaaacc	60
ctacttgtaa	tttacaaccg	caaattccca	gagaacagag	taactacgag	agagagatgg	120
agattcaaat	taaaaagaaa	aacttatata	taatgaatac	acaaaagcta	cctaattctgt	180
atatatatat	atataaatat	gtcttcatta	aattaatggg	cgtggaatag	aaaaaggaaa	240
acctaatttg	atcgctaggg	cttatcagag	taaagatggg	taaccttcaa	aagatgacta	300
attaaccggg	gagataatta	aaagattaaa	tacgccaaca	gagagttaag	agataccaga	360
tttaaatcc	acaatttggt	catgttcttc	ttcacgtatt	catgacgatg	tctgaattat	420
agagaaaccc	aaaatataaa	atgttaattt	taccagacat	ttacatacca	ataactctat	480
gacgatatgt	aaagtaagca	aggcatgttt	ttatgcaggg	aagattgaaa	attcaagatt	540
aatcaagaaa	attggaatac	caaaaagaga	gggagctccc	ttcagtccaa	tcagagagaa	600
tcaatgaccc	aatttgtcta	ccgcatcatt	cattcattta	acaagtctag	ctcgaattct	660
tgggtgactcg	gtatttggat	gaatgagtcg	gaagctaatt	ggatcatatc	acgacctatg	720

	aatggactca aggaagctct ctacaaatgt attcctacca catcaaccca aatatagtga	780
	ttacagatgc tgttctcact gtagactaca tttacgttt	819
	<210> 268	
	<211> 503	
5	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 268	
	agacatctct tcttctctca tctctctttt cttctctctt ttcttcacat aaactctctt	60
	tttttactat taaatccata tggtagctca aattaatcta tggtagctca gggttatctt	120
	gaagattaga attgattcta gcacgcacag agaggaagat cattgcatcc agaatacaca	180
	acatggccta tcttttatct tttctttttg atctaagtca ctgttttatg ctatatatag	240
	tataatcaaa ttttttacat gtgcttgat gtatgcgtat atatagtaac ggaattgtta	300
	atatgcttat agatgttgag ttggtggagg aagagagctt tcttcggtcc actcatggag	360
	taatatgtga gatttaattg actctcgact cattcatcca aataccaaat gaaagaattt	420
	gttctcatat ggtaaatgaa tgaatgatgc gagagacaaa ttgagtcttc acttctctat	480
	gcttggactg aagggagctc cct	503
	<210> 269	
	<211> 365	
10	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 269	
	tcttattcca tcacaatcat ctagggtttt aagccaagct tatatagccc gtcataaaga	60
	gaactcatct gcctctctct caataccaat aaatatcacc accgtccttc tctcctatca	120
	ctattcaatc tatcgcaaac tcttttatgt ctctccaatt ttatgagagg gtttccttca	180
	agaacacagt aaaatagatt ggatctttta acttttgctc cttttcatga gggtttgaca	240
	aagatcttct tacagtcctc tttggcattc tgtccacctc cttctatata tatatgcatg	300
	tgtatatata tatgcgtttc gtgtgaaaga aggaggtggg tatactgcca atagagatct	360
	gtag	365
	<210> 270	
15	<211> 134	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 270	
	ttgtatcatg acagagcaag aagaagaaag tcaaatgtcc acatgagttc cctttaacgc	60
	ttcattgttg aataactcaaa gccacattgg tttgtatata aactgaagt gtttgggggg	120
	actcttggtg tcat	134
20	<210> 271	

ES 2 729 402 T3

<211> 229
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 271

5	tttcaaacc	taacactctt	ataaaccgat	tcgccaaaat	gtatctacaa	tatattgata	60
	atgtaatatc	tatatattca	aacaatcgtc	gtgttggtcg	gatgttttct	agagttcctc	120
	tgagcacttc	attggagata	caatttttta	taaaatagtt	ttctactgaa	gtgtttgggg	180
	gaactcccg	gctgattcgg	tattttaaat	tcagtagact	agctagctg		229

<210> 272
 <211> 220
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

10	tggtaataga	aatgagcaag	gagatatttt	tttccctgg	gtttgaatga	acatcattga	60
	gtgcatcggt	gatgtaattt	tacttatttt	attccattgt	tgaattaatt	aaagaagtat	120
	atatcagcgt	tgcatccaat	tatgtttttc	taattttcag	gaaatacaaa	aaaaatgaaa	180
	aaaaaaaaatc	acttaaaaga	ccttgagagt	tcttttgact			220

<210> 273
 <211> 225
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

15	ggatatcgaa	actcaaactg	taacagtcct	tttattactg	gtttagaaga	tagataaata	60
	ttgttaaggt	agtggatctc	gacaggggtg	atatgagaac	acacgagcaa	tcaacggcta	120
	taacgacgct	acgtcattgt	tacagctctc	gtttcatgtg	ttctcaggtc	accctgctg	180
	agctctttct	ctaccgtcca	tgttttatca	acgccgtggc	ccgtg		225

<210> 274
 <211> 165
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

20	tcttatagag	atgaagagaa	acatgtaaac	tcactagttt	tagggcgcct	ctccattggc	60
	aggtccttta	cttccaaata	tacacataca	tatatgaata	tcgaaaattt	ccgatgatcg	120
	atttataaat	gacctgccaa	aggagagttg	ccctgaaact	ggttc		165

<210> 275
 <211> 187
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana

25

<400> 275

caataactca aaatgcaatg tgaaatatga agaatatatt aaatagtagt gaagatgcat	60
gtttatgaag acagagagat aatgtatggt tggattactg ggcgaatact cctatggcag	120
atcgcattgg ctagatatgc aagtaaaatg cttctctgcc aaaggagatt tgccccgcaa	180
ttcatcc	187

<210> 276

<211> 235

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 276

atttaggtct ctcttcttct tcttcttttt cttcttgagc gccggcgaaa aaagtctctg	60
tgagaaaaag atacgacgat tgtcattaga agagtcgtat tacatgtttt gtgcttgaat	120
ctaattcaac aggctttatg taagagattc tttacaatt cctataatct ttgttggtgg	180
attagattca cgcacaaact cgtaatctgt cttttcgatt tttaccagat ctgtc	235

<210> 277

<211> 944

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 277

aattatatcc atgggtcatgg ctcatcatta gtcgcactgc tctccttttc tcaaagttta 60
aattcgacat ttggtaaaat gatgaaacct cgatggaact gctctcttta tggaatcacg 120
gaatggacaa ataatacaaaa tcagaaatcg aagcgaaaag ggaggagaaa aacgcagatt 180
tggaggattg gggacagatt agatactggt gaatgcatca ctctaagtct atcagcctat 240
taatagcgtc ctatattttc gaagactttt aatgttttagg gttatggatt tttcgagcga 300
agcatggaga gatgttgaat tggatactat aggatttggg acaacacata catatgttct 360
gcttctgcaa aactaacata tcaagttcag agaaaccagt aagtcgttga atattttatt 420
atccattcaa cgctttcttc ttttggatca tgtcttggtt gcttgaccac ttcttcttgc 480
ttaagaggat ggacaatata taaaaactgg agccttcttt ttctatgaat gcttatcatc 540
gcgaggttga tctgttcaat tcacctgcca ttggatgctt tttttatata tacttccactg 600
ttcaatttca gatgcttttag aaggtttgcg gagtagctag agaactctgg atcttcagtt 660
cttcaatttc agctacttgg tatcagcttc gtcattgtat atcaacacat tcttaatata 720
taatactact ttttcatcca ttaaaccctt tacaatgtcg agtaaacgaa gcatctgtcc 780
cctggatttg tcttcgagct tgggtgtttt ttctagccaa ctccaagttc tcgagttgat 840
cattgtttgt attcttgaga cattatttgg ggacgagatg tttgttgac tcgatataag 900

aaggggcttt atggaagaaa ttgtagtatt atatatcgag agtg 944

<210> 278

<211> 420

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

5

<400> 278

ctataaatgc tgcttatcat cgtggagttg gttctgtaaa catttgaaaa ttctgaacag 60
tttcacctgc cattggatgc tttgtttcaa tttcaggtgc gttagaaggt ttgcagagta 120
gctagagaat ctcgatatct cactttctgc tacttggtat cagcttcgtc actttatatc 180
aacacattct taatatacaa tactactttt tcatccatta atccccctac aatgtcgagt 240
aaacgaagca tctgtcccct ggtattgtct tcgagcttgg tgtgtttttc tagccagccc 300
caagttctcg agttgatcat tgtttgtatt ctgacacatt atttggggac gagatgtttt 360
gttgactcga tataagaagg ggctttatgg aagaaattgt agtattatat attgagaatg 420

<210> 279

<211> 383

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

10

<400> 279

ES 2 729 402 T3

tagtataacc gctgatgtac acctaccagc ttgataactc tttttcgtgg tttctgtgta	60
ctcgtttctg tttgtacaga tactttctgt tcaatttcag atgctttaga aggttttcgg	120
agtggctaga gatctgttat ctgtatgaac agctacttgg tatkagcttc gtcattttat	180
caacacattc ttaatataca atacttcttt ttcattgcatt aagccctta caatgtcgag	240
taaacaaagc atgtgtccgc taatattgtc ttcgagcttg gtatttttgt attctgatac	300
ggtatttggg gacgacatct tttgttgact cgatataaga aggggggttg tggaagaaat	360
tgtagtatta tatatcaaga atg	383

<210> 280

<211> 2164

<212> ADN

<213> Drosophila melanogaster

<400> 280

tttgtggaac acattcgacc cactgaaaaa ttgatataat ttaatgaaag tgcataaaaa	60
tggtggacag tgcattaaac tgagcattga acacaaaggc cgctcagcaa attgctaatt	120
aaaattcacg attgccattt cacctgacac gttgacgatt ttcattacaa ttcgattatg	180
tttcgttgca ggggaatttta aatgttaatt gccagaatg tttcaacaaa ttcatttctc	240
attaatgtgt cttttcattt aattttatgt tgtatgagct gcacgagaaa tgagttgtac	300
ttttagttcg acggcagagt catgaatgtt cggcaaagaa tgtaataata actatcctct	360

ttagacaaat atagatacaa atctatcaga ttctaaaagt agaataatca attaatcaga	420
aagctaaaaa taaataggca tatttatatt ttaatgcgga tttttgaagt tcaacgggag	480
aatgaatcc tttttaccag ccacaggcgc aatttgcaac agaaagtgtg gcagaagtac	540
tcctcgaata tttccctgct ccaggagtca tccatgtggt ttcgaggcac acatttgaca	600
aactcatgcc ccgctatttg ttgtaaaaac acaatgcac acatggccgc atttcggcga	660
cttcagaga gcggtacact taaggcggcc tgggaaacgc ctgcaatctg ctggctcgca	720
actgcagatt gcatccatgt gccaggcgac catgcgacca tgtgaccatg tgcccgcg	780
acgcctcgca gccacatcc tgcccatcga gggcacaact cagcgtgggt attgccgctc	840
cggctgcttc aagtaggtaa aaaccgagaa gattgaggat gaatgtatga gtatgagaaa	900
atactcggcg gaacatatgc tgccgggctt gacctgacct tgcctcatgt gtgggtctcc	960
gatttaattt taggcaccta tataaacgcg tgtttacact gcagccagaa cacagtcgcc	1020
gtcttcagtt cgcgccgtca actcctcgat cgatcgatcg catcgtctcg gatcgaatag	1080
agctgggctt ctgctccgga gctacatcgc cgtacttgct ggacgagtgt ggtgatgaaa	1140
agtcgcttag tccgggattc ctgccagatc tctaagggat gagctggcat cccaggctgg	1200
ccatgtggcg cgaagtatgc gcacaaaaaa gtcaaacaaa aaggcgcaat ttattacgg	1260
gcaaccaacg acgaaacaaa acaaaagcca accgaaaagc agaaacaaag cagcaaaaag	1320
tttatgaatt ttttgtgcag gcgcgtgaaa gatgcaaaac gagaaaaaaa catgaaaaaa	1380
aaacattaaa aaaaacaaaa aaaatccaaa acagataccg agctgtatcc gaaaacgagt	1440
ggggaaagg gtttccagc cacatataaa cactctcag tgcgcttaaa aattgcttta	1500
ttgcagttgg actataaaaa cgcacggcag cgaacaccgc acaacaaaaa ggacgagcag	1560
aagtgggcaa ataaaacgaa agctcttaaa cgaaaaacag gaaaatttgc atgccacaaa	1620
aataagcata aggatttgcc gcgcacaaag tagaagcaaa aaggaattgc ccaaatgcag	1680
ccacaaaaga ctgtggcaaa tgttttgcag cttgcccctt tttccctgca attaccgtca	1740
gtcgttgtca ttattcagca gattatatgg ttttgcttat tccggaccac catcatcatc	1800
atcattatca tcatcttcgg taagttagac aatcccataa aaaactgtcc aagtgagtag	1860
tgccaccaaa agttagccgc gttgtggaaa atccaaaaca aagaccatcc catattcagc	1920
ctttgagagt tccatgcttc cttgcattca atagttatat tcaagcatat ggaatgtaaa	1980
gaagtatgga gcgaaatctg gcgagacatc ggagttgaaa ctaaaactga aatttgattg	2040
aaacagaagt agaaccgtaa tgaaatgaat gaaatattaa cccgtttcta caatccctga	2100
ataaaattat taattaatta tagagcgggc taattttaca atatatattg attttttttt	2160
gaag	2164

<210> 281

<211> 919

<212> ADN

<213> Drosophila melanogaster

<400> 281

attctttttt	ggtgctcgat	cgtgacggtt	tgctcgcgct	ctccgctgcg	ccgctctttc	60
cgttgcatat	gtgtgcgggc	gttattgtgc	atgtttccgg	tggccgaaaa	aaaatagtaa	120
aataaaatat	agaaaacaga	aaccaagaat	aataacagcc	atacgataaa	cagtgtgcca	180
atgtgtgtgt	ctgtgtgtgt	gtgcatctcg	cgtaacaaca	ataattgcat	ttatcggatg	240
gcgccagctt	caatttaatt	ataaataaca	tgttcaactt	tttatactat	tttccctgcg	300
tcaaagtggg	cgttgcaact	gccccgggaa	aatcacgcgc	cccgggtcaa	agttaaagtt	360
tgctgggtaa	cgcacacaca	cacacacaca	atcactcaca	cgcggtcaca	cgcacatttc	420
aataaactaa	tggagcctgg	ctttgttttt	gttttatttc	caaccactt	gagcacacag	480
cacacacaga	gagaaaaatc	aatactcggt	atgggattaa	atttaciaag	cgcaaagcaa	540
agcgacaaac	aaaattcaaa	agaaagaaaa	aaaaacactc	aaataaactc	acaaagaatt	600
ccttatcgcc	aagggggcca	atgttctaag	gttctttcgc	cttgagaact	ttgagcttcc	660
tctggcaaag	gagattataa	tgtacaaata	atgttgcaat	aaccagttga	aaccaatgga	720
ataccgaatc	ttgctaatta	gcaaggacat	ctgttcacat	cttaccgggc	agcattagat	780
cctttttata	actctaatac	tgtcaggtaa	agatgtcgtc	cgtgtcctta	accttcagta	840
ccaccaacag	cagcagcagc	acaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aatgcgtaaa	aatccaaaca	900
aatcataaaa	gtcgaagga					919

5

<210> 282

<211> 20

<212> ARN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 282

10

ugacagaaga gagugagcac 20

<210> 283

<211> 20

<212> ARN

<213> Arabidopsis thaliana

15

<400> 283

ugacagaaga gagugagcac 20

<210> 284

<211> 20

<212> ARN

20

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 284

ugacagaaga gagugagcac 20

<210> 285

<211> 20

	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 285	
	ugacagaaga gagugagcac	20
5	<210> 286	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis lyrata	
	<400> 286	
10	uuuggauuga agggagcucu a	21
	<210> 287	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
15	<400> 287	
	uuuggauuga agggagcucu a	21
	<210> 288	
	<211>21	
	<212> ARN	
20	<213> Capsella rubella	
	<400> 288	
	uuuggauuga agggagcucu a	21
	<210> 289	
	<211>21	
25	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 289	
	uuuggauuga agggagcucu u	21
	<210> 290	
30	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 290	
	ugccuggcuc ccugaugcc a	21
35	<210> 291	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 291	
40	ugccuggcuc ccugaugcc a	21
	<210> 292	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
45	<400> 292	
	ucaaugcauu gaaagugacu a	21

<210> 293
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 5 <400> 293
 ucgaauaaacc ucugcaucca g 21
 <210> 294
 <211>21
 <212> ARN
 10 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 294
 ucgaauaaacc ucugcaucca g 21
 <210> 295
 <211> 24
 <212> ARN
 15 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 295
 uugaagagga cuuggaacuu cgau 24
 <210> 296
 <211>21
 <212> ARN
 20 <213> Arabidopsis lyrata
 <400> 296
 uggagaagca gggcacgugc a 21
 25 <210> 297
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 297
 30 uggagaagca gggcacgugc a 21
 <210> 298
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Brassica rapa
 35 <400> 298
 uggagaagca gggcacgugc a 21
 <210> 299
 <211>21
 <212> ARN
 40 <213> Carica papaya
 <400> 299
 uggagaagca gggcacgugc a 21
 <210> 300
 <211>21
 45 <212> ARN
 <213> Capsella rubella
 <400> 300

	uggagaagca gggcacgugc a	21
	<210> 301	
	<211>21	
5	<212> ARN	
	<213> Gossypium raimondii	
	<400> 301	
	uggagaagca gggcacgugc a	21
	<210> 302	
10	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Medicago truncatula	
	<400> 302	
	uggagaagca gggcacgugc a	21
	<210> 303	
15	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Oryza sativa	
	<400> 303	
	uggagaagca gggguacgugc a	21
20	<210> 304	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis lyrata	
	<400> 304	
25	ucggaccagg cuucaucucc c	21
	<210> 305	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
30	<400> 305	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
	<210> 306	
	<211>21	
35	<212> ARN	
	<213> Brassica carinata	
	<400> 306	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
	<210> 307	
	<211>21	
40	<212> ARN	
	<213> Brassica juncea	
	<400> 307	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
	<210> 308	
45	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Brassica napus	

	<400> 308	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
5	<210> 309 <211> 21 <212> ARN <213> Brassica oleracea	
	<400> 309	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
10	<210> 310 <211> 21 <212> ARN <213> Brassica rapa	
	<400> 310	
	ucggaccagg cuucaucucc c	21
15	<210> 311 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 311	
20	ucggaccagg cuucauucc c	21
	<210> 312 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana	
25	<400> 312	
	ucggaccagg cuucauucc c	21
30	<210> 313 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 313	
	ugaagcugcc agcaugaucu a	21
35	<210> 314 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 314	
	ugaagcugcc agcaugaucu a	21
40	<210> 315 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 315	
	cagccaagga ugacuugccg g	21
45	<210> 316 <211> 21 <212> ARN	

	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 316	
	uagccaagga ugacuugccu g	21
5	<210> 317	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 317	
	ugauugagcc gcgccaauau c	21
10	<210> 318	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 318	
15	uugagccgug ccaauaucac g	21
	<210> 319	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Medicago truncatula	
20	<400> 319	
	ugauugagcc gcgucaauau c	21
	<210> 320	
	<211> 21	
25	<212> ARN	
	<213> Zea mays	
	<400> 320	
	ggauugagcc gcgucaauau c	21
	<210> 321	
	<211> 21	
30	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 321	
	uugagccgug ccaauaucac g	21
	<210> 322	
35	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Medicago truncatula	
	<400> 322	
	agauugagcc gcgccaauau c	21
40	<210> 323	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Medicago truncatula	
	<400> 323	
45	cgagccgaau caauaucacu c	21
	<210> 324	

	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 324	
5	agaauucuuga ugaugcugca u	21
	<210> 325	
	<211> 20	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
10	<400> 325	
	gcagcaccau uaagauucac	20
	<210> 326	
	<211>21	
	<212> ARN	
15	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 326	
	agaauucuuga ugaugcugca g	21
	<210> 327	
	<211>21	
20	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 327	
	ggaauucuuga ugaugcugca u	21
	<210> 328	
	<211>21	
25	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis cebennensis	
	<400> 328	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21
30	<210> 329	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis halleri	
	<400> 329	
35	uuggacugaa gggagcuccc u	21
	<210> 330	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis lyrata	
40	<400> 330	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21
	<210> 331	
	<211>21	
	<212> ARN	
45	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 331	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21

	<210> 332	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Brassica rapa	
5	<400> 332	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21
	<210> 333	
	<211>21	
	<212> ARN	
10	<213> Carica papaya	
	<400> 333	
	uuggacugaa gggagcuccu u	21
	<210> 334	
	<211> 19	
	<212> ARN	
15	<213> Capsella rubella	
	<400> 334	
	uuggacugaa gggagcucc	19
	<210> 335	
	<211>21	
	<212> ARN	
20	<213> Eucalyptus grandis	
	<400> 335	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21
25	<210> 336	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Gossypium raimondii	
	<400> 336	
30	uuggacugaa gggagcuccc u	21
	<210> 337	
	<211> 22	
	<212> ARN	
	<213> Medicago truncatula	
35	<400> 337	
	uuggacugaa gggagucucc cu	22
	<210> 338	
	<211>21	
	<212> ARN	
40	<213> Oryza sativa	
	<400> 338	
	uuggacugaa gggugcuccc u	21
	<210> 339	
	<211> 20	
	<212> ARN	
45	<213> Physcomitrella patens	
	<400> 339	

	cuuggacuga agggagcucc	20
	<210> 340	
	<211> 20	
5	<212> ARN	
	<213> <i>Thellungiella halophila</i>	
	<400> 340	
	uggacucaag gaagcucucu	20
	<210> 341	
10	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 341	
	uuggacugaa gggagcuccc u	21
	<210> 342	
15	<211> 20	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 342	
	uuggcauucu guccaccucc	20
20	<210> 343	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 343	
25	cugaaguguu ugsggggacu c	21
	<210> 344	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
30	<400> 344	
	cugaaguguu ugsgggaacu c	21
	<210> 345	
	<211> 21	
35	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 345	
	ucauugagug caucguugau g	21
	<210> 346	
40	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 346	
	uguguucuca ggucaccccu g	21
	<210> 347	
45	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	

<400> 347
 ugccaaagga gaguugcccu g 21
 <210> 348
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 348
 ugccaaagga gauuugcccc g 21
 <210> 349
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 349
 uuagauucac gcacaaacuc g 21
 <210> 350
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 350
 uuggggacga gauguuuugu ug 22
 <210> 351
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 351
 uuggggacga gauguuuugu ug 22
 <210> 352
 <211>21
 <212> ARN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 352
 ccccuuacaa ugucgaguaa a 21
 <210> 353
 <211> 22
 <212> ARN
 <213> Drosophila melanogaster
 <400> 353
 uggaauguaa agaaguaugg ag 22
 <210> 354
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> Drosophila melanogaster
 <400> 354
 uaauacuguc agguaaagau guc 23
 <210> 355
 <211> 17
 <212> PRT

ES 2 729 402 T3

<213> Homo sapiens

<400> 355

Met	Glu	Met	Ala	Leu	Met	Val	Ala	Gln	Thr	Arg	Lys	Gly	Lys	Ser	Val
1				5					10					15	

Val

5

<210> 356

<211> 53

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 356

tggagatggc tctaatggtg gcacaaacca ggaaggggaa atctgtggtt taa 53

10

<210> 357

<211> 1500

<212> ADN

<213> Homo sapiens

<400> 357

ES 2 729 402 T3

gccgagcccg ggcccagcgc cgcctgcagc ctcgggaagg gagcggatag cggagccccc 60
 agccgccccg agagcaagcg cggggaacca aggagacgct cctggcactg cagataactt 120
 gtctgcattt caagaacaac ctaccagaga ccttacctgt caccttggct ctcccaccca 180
 atggagatgg ctctaattgt ggacaaaacc aggaagggga aatctgttgt ttaaattctt 240
 tatgcctcat cctctgagtg ctgaaggctt gctgtaggct gtatgctgtt aatgctaata 300
 gtgatagggg tttttgcctc caactgactc ctacatatta gcattaacag tgtatgatgc 360
 ctgttactag cattcacatg gaacaaattg ctgccgtggg aggatgacaa agaagcatga 420
 gtcaccctgc tggataaaact tagacttcag gctttatcat ttttcaatct gttaatcata 480
 atctggtcac tgggatgttc aaccttaaac taagttttga aagtaagggt atttaaaaga 540
 tttatcagta gtatcctaaa tgcaaacatt ttcattttaa tgtcaagccc atgtttgttt 600
 ttatcattaa cagaaaatat attcatgtca ttcttaattg caggtttttg cttgttcatt 660
 ataattgtca taaacacctt tgattcaact gttagaaatg tgggctaaac acaaatttct 720
 ataatatatt tgtagttaaa aattagaagg actactaacc tccagttata tcatggattg 780
 tctggcaacg ttttttaaaa gatttagaaa ctggtacttt cccccaggta acgattttct 840
 gttcaggcaa cttcagttta aaattaatac ttttatttga ctcttaaagg gaaactgaaa 900
 ggctatgaag ctgaattttt ttaatgaaat atttttaaca gttagcaggg taaataacat 960
 ctgacagcta atgagatatt ttttccatac aagataaaaa gatttaataca aaaaatttca 1020
 tatttgaaat gaagtcccaa atctaggttc aagttcaata gcttagccac ataatacgg 1080
 tgtgcgagca gagaatctac ctttccactt ctaagcctgt ttcttcctcc atatggggat 1140
 aatactttac aagggtgttg tgaggcttag atgagataga gaattattcc ataagataat 1200
 caagtgttac attaatgtta tagttagatt aatccaagaa ctagtcaccc tactttatta 1260
 gagaagagaa aagctaataa tttgatttgc agaataatta aggtttggat ttctatgcag 1320
 tttttctaaa taaccatcac ttacaaatat gtaaccaaac gtaattgtta gtatatttaa 1380
 tgtaaaacttg ttttaacaac tcttctcaac attttgtcca ggttattcac tgtaaccaa 1440
 taaatctcat gagtctttag ttgattttaa ataaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1500

<210> 358
 <211> 23
 <212> ARN
 <213> Homo sapiens

<400> 358

uaauacuguc agguaaagau guc 23

<210> 359
 <211> 337
 <212> ADN
 <213> Medicago truncatula

<400> 359

ES 2 729 402 T3

	ttaggggtttt cagctcatgg taataaaaat gtcactaat gtcttgcagtg tgggaatgag	60
	gtcatatatg cagccaagga tgacttgccg gcgagcctct ttcgatactt ttatgacata	120
	attaatcatg tggatagcca aggtactaaa ctcaactttgc actaaaacaa atattttttgc	180
	tttagtgcaa acttagttta ggcgcttcgc aacggctagt caaatgtcct agttccaatg	240
	tgattgggtg tccggcaagt cgtctctggc tacgtaaagg cctccttttt tcatgctaga	300
	tttttgatga ttgatatag ccacacatat tttggaa	337
5	<210> 360 <211> 121 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 360	
	aagaggcaga gagagtaatg cagccaagga tgacttgccg acaacattgg cgaatgttca	60
	tgtgatttct gcctcattgt gccggcaagt tgtccttggc tatgttagtc tctcatcttc	120
	t	121
10	<210> 361 <211> 114 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 361	
	tgaattcccc tccgcttttt gatgttggct tgtctcaatc aaatcaaagt tcttgaaatt	60
	tgagttcttt agtctgattg agtcgtgcc aatcatatt aagcgataaa agtc	114
15	<210> 362 <211> 367 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 362	
	ccacaaaact ataactagct agaagcttta atcgccttat ttattataat aataataata	60
	aatatggctt cagctgcaaa agtatacatg gcgtgatatt gatccggctc atctatatct	120
	tcaagttcaa tcatccatat tcatatcaat ttcagacgag ccgaatcaat atcactcttg	180
	tttgcttcat tgcatattaa ttatatactt catttataag ttatagtttg ccatatatat	240
	attagattga ttctgcagaa gtagacagga gtggtgttgt ttctgctcat cttattaaat	300
	aatgaatgaa tgaatgacat ttgcttactt ataagacgag ccgaatcaat atcactccag	360
	tacacct	367
20	<210> 363 <211> 135 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 363	

ES 2 729 402 T3

	aactgcaact tgaggaggca tccaaaggga tcgcattgat cctataatat ttcaacttta	60
	gtcacttttaa ttttctctca tataataactt aattgggatc atgcatccc ttggatttc	120
	tccttttagta gctac	135
5	<210> 364 <211> 119 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 364	
	aggcatccaa agggatcgca ttgatcccaa atctaattaa gtccctagct acttaattaa	60
	caacttaatt tccttaatat ctcataatat ttgggatcat gctatccctt tggattcat	119
10	<210> 365 <211> 93 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 365	
	tgcttttcca cagctttctt gaacttcttt cgtatcttaa atctgttttc aagattaaaa	60
	gtcctagaag ctcaagaaag ctgtgggaga ata	93
15	<210> 366 <211> 95 <212> ADN <213> Medicago truncatula <400> 366	
	tattcttcca cagctttctt gaactgcac caaattgagt tcctttgcat tgccatggcc	60
	attgttttgc ggttcaataa agctgtggga agata	95
20	<210> 367 <211> 21 <212> ARN <213> Medicago truncatula <400> 367	
25	cagccaagga ugacuugccg g 21 <210> 368 <211> 21 <212> ARN <213> Medicago truncatula	
30	<400> 368 cagccaagga ugacuugccg a 21 <210> 369 <211> 21 <212> ARN	
35	<213> Medicago truncatula <400> 369	

	ugauugaguc gugccaauau c	21	
	<210> 370		
	<211> 20		
5	<212> ARN		
	<213> Medicago truncatula		
	<400> 370		
	gagccgaauc aaaucaucuc	20	
	<210> 371		
10	<211>21		
	<212> ARN		
	<213> Medicago truncatula		
	<400> 371		
	uccaaaggga ucgcgauugau c	21	
	<210> 372		
15	<211>21		
	<212> ARN		
	<213> Medicago truncatula		
	<400> 372		
	uccaaaggga ucgcgauugau c	21	
20	<210> 373		
	<211>21		
	<212> ARN		
	<213> Medicago truncatula		
	<400> 373		
25	uuccacagcu uucuugaacu u	21	
	<210> 374		
	<211> 21		
	<212> ARN		
	<213> Medicago truncatula		
30	<400> 374		
	uuccacagcu uucuugaacu g	21	
	<210> 375		
	<211> 15		
35	<212> PRT		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 375		
	Met Met Leu His Ile Thr His Arg Phe Glu Ser Asp Val Gly Cys		
	1 5 10 15		
	<210> 376		
	<211>4		
40	<212> PRT		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 376		
	Met Leu Tyr Val		
	1		

<210> 377
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 5 <400> 377

 Met Phe Met Arg Arg Gly Leu Val Tyr Asn Asn Ile Tyr Ile
 1 5 10

 <210> 378
 <211> 17
 <212> PRT
 10 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 378

 Met Met Lys Val Cys Asp Glu Gln Asp Gly Glu Ala Gly His Val His
 1 5 10 15

 Tyr

 <210> 379
 <211> 28
 <212> PRT
 15 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 379

 Met Lys Lys Arg Ile Thr Arg Ile Asn Leu Glu Glu Gln Ile Lys Lys
 1 5 10 15

 Thr Leu Asp Asp Ser Arg Thr Arg Leu His Ser Pro
 20 25

 <210> 380
 <211> 10
 <212> PRT
 20 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 380

 Met Lys Lys Ile Gly Ser Ile Asp Ser Phe
 1 5 10

 <210> 381
 <211> 6
 <212> PRT
 25 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 381

 Met Thr Cys Arg Phe Lys
 1 5

 <210> 382
 <211> 11
 <212> PRT
 30 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 382

 35 <400> 382

ES 2 729 402 T3

Met Lys Asn Glu Asn Leu Cys Gly Ser Gln Gly
 1 5 10

<210> 383
 <211> 45
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 383

Met Lys Cys Met Met Lys Lys Arg Gly Leu Thr Trp Arg Lys Ala Ser
 1 5 10 15

Cys Leu Val Ala Lys Asp Asp Leu Pro Asp Leu Phe Arg Leu His Asp
 20 25 30

Ser Ile Ser Asn Ser Cys Ile Leu Asp Tyr Tyr Thr Phe
 35 40 45

<210> 384
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 384

Met Phe Pro Arg Glu Ser Leu
 1 5

<210> 385
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 385

Met Thr Leu Ser Val Phe Phe His Ser Phe Leu Glu Leu Gln Asn Phe
 1 5 10 15

Phe Arg Phe Phe Phe Phe Ser Phe Asp Ile Ser Tyr Ala
 20 25

<210> 386
 <211> 23
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 386

Met Ser Leu Ala Lys Gly Glu Leu Pro Cys His Cys Phe Arg Leu Asn
 1 5 10 15

Thr Val Tyr Asn Arg Phe Cys
 20

<210> 387
 <211> 48
 <212> ADN
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 387

atgatgtgc atatcacaca taggtttgag agtgatgttg gttgttga 48

	<210> 388		
	<211> 15		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
5	<400> 388		
	atgctgtatg tatag	15	
	<210> 389		
	<211> 45		
10	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 389		
	atgttcatgc gtagaggttt ggtatacaac aatatataca tataa	45	
	<210> 390		
	<211> 54		
15	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 390		
	atgatgaagg tgtgtgatga gcaagatgga gaagcagggc acgtgcatta ctag	54	
	<210> 391		
20	<211> 87		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 391		
	atgaagaaga gaatcactcg aattaatttg gaagaacaaa ttaagaaaac cctagatgat	60	
	tctcggacca ggcttcattc cccctaa	87	
25	<210> 392		
	<211> 33		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 392		
30	atgaagaaga tcggtagtat tgattcattt taa	33	
	<210> 393		
	<211> 21		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
35	<400> 393		
	atgacttgcc gatttaaatg a	21	
	<210> 394		
	<211> 12		
40	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 394		
	atggtgacat ga	12	
	<210> 395		
	<211> 36		
45	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		

ES 2 729 402 T3

	<400> 395		
	atgaagaatg agaactgtg tggtagccaa ggatga	36	
	<210> 396		
	<211> 138		
5	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 396		
	atgaagtgta tgatgaagaa gagaggtcta acatggcggg aagcgtcatg tttagtagcc	60	
	aaggatgact tgcctgatct ttttcgcctc cacgattcaa tttcaaattc atgcattttg	120	
	gattattata cctttttaa	138	
	<210> 397		
10	<211> 24		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 397		
	atgtttccga gagatccct ctga	24	
15	<210> 398		
	<211> 90		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 398		
	atgaccctct ctgtattctt ccacagcttt ctggaactgc aaaacttctt cagatttttt	60	
	tttttttctt ttgatattctc ttacgcataa	90	
20	<210> 399		
	<211> 72		
	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
25	<400> 399		
	atgtcacttg ccaaaggaga gttgccctgt cactgcttcc gcttaaacac agtctataac	60	
	cggttctgct aa	72	
	<210> 400		
	<211> 331		
30	<212> ADN		
	<213> Arabidopsis thaliana		
	<400> 400		
	ctttgtcact tcatacactc cctattgtct atatatatat atatacttac acatattcaa	60	
	acattataat acttaattac acatacatatc tttatgatgt tgcataatcac acatagggtt	120	

ES 2 729 402 T3

	gagagtgatg ttggttggtg acagaagata gagagcacta aggatgacat gcaagtacat	180
	acatatatat catcacaccg catgtggatg ataaaatatg tataacaaat tcaaagaaag	240
	agagggagag aaagagagag aacctgcac tctactcttt tgtgctctct atacttctgt	300
	caccaccttt atctcttctt ctctctaacc t	331
	<210> 401	
	<211> 304	
5	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 401	
	atttactctt caccgccctc tctctatata tagtctctat cctcacatat tatatatcaa	60
	accgcaagaa tgctgtatgt atagtggagg gtgatagtgt ggttgctgac agaagataga	120
	gagcactaag gatgctatgc aaaacagaca cagatatgtg tttctaattg tatttcatac	180
	tttaacctca aagttgatat aaaaaaagaa agaaagatag aagagctaga agactatctg	240
	catctctatt cctatgtgct ctctatgctt ctgtcatcac ctttctttct ctatttctct	300
	ctac	304
	<210> 402	
	<211> 245	
10	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 402	
	aacccaaact cttcaacatt tctctctgac tacttcattt cctcttccca acagttaaaa	60
	aaagttctga ttcgattcaa gccaaagatcc acgtataaag atatgttcat gcgtagagg	120
	ttggtataca acaatatata catataatag tttgtcgta tgccctggctc cctgtatgcc	180
	acgagtggat accgattttg gttttaaaat cggctgccgg tggcgtacaa ggagtcaagc	240
	atgac	245
	<210> 403	
15	<211> 240	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 403	
	atacattctc tctttctctc tctctctctc tctcatcccg gccagttat gtggtcggag	60
	agaatgatga aggtgtgtga tgagcaagat ggagaagcag ggcacgtgca ttactagctc	120
	atatatacac tctcaccaca aatgcgtgta tatatgcgga attttgtgat atagatgtgt	180
	gtgtgtgttg agtgtgatga tatggatgag ttagttcttc atgtgcccac cttcaccatc	240
20	<210> 404	
	<211> 280	
	<212> ADN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 404	

ES 2 729 402 T3

	tcacacatac ctttctttct cttcttcttc ttacgaaaag tttcatcaca ttcacattat	60
	ctttaacttt ggtctctttt cttttttgtc tcttttctct tcttgataac gtggttctag	120
	tcttgattaa ttcatgttg tgcgatttag tgttgagagg attgttgtct ggctcgagg	180
	catgaagaag agaactcctc gaattaattt ggaagaacaa attaagaaaa ccctagatga	240
	ttctcggacc aggttcatt ccccctaacc tacttatcgc	280
5	<210> 405 <211> 179 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 405	
	atttagcttc ttcttcttct tcttcttctg tctacttaca taaagttatc cttgctttgg	60
	tttaggggtg agaggaatat tgtctggctc gaggtcatga agaagatcgg tagtattgat	120
	tcattttaaa gagtgaatc cctaaatgat tctcggacca ggcttcattc cccccaacc	179
10	<210> 406 <211> 376 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 406	
	tagtattcat aagcaccaaa acaaatatgt agagatctcc tcttcattc tctattgtta	60
	ctttcgagaa gaaacatata aaacacatac atttttcttt tgtttgtggt tttcatatat	120
	acaagtgggt atagctagt aaacgcgaat gtgacgaaag tagtgtgcag ccaaggatga	180
	cttgccgatt taaatgatct ttctttatac tctattaaga caatttagtt tcaaactttt	240
	tttttttttt ttttttgaag gattcaggaa gaaattagga tatattattc cgtataaaat	300
	acaagatata taaaaccaa aagaaaaagt aacatgatcg gcaagttgtc cttggctaca	360
	cgttactttg tgtcgc	376
15	<210> 407 <211> 77 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 407	
	actcatcaac aacctcttca taaatacata aatcatataa gagaaaatgg tgacatgaag	60
	aatgagaact tgtgtgg	77
20	<210> 408 <211> 248 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 408	

	aggcaaaaac atatagagag taatgaagtg tatgatgaag aagagaggtc taacatggcg	60
	gaaagcgtca tgttttagtag ccaaggatga cttgcctgat ctttttcgcc tccacgattc	120
	aatttcaaat tcatgcattt tggattatta taccttttaa agtataatag gtcaaatatc	180
	atgttgaatc ttgcgggtta ggtttcaggc agtctctttg gctatcttga catgcctttt	240
	ccatccat	248
5	<210> 409 <211> 187 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 409	
	attcactccc ttcttcttct taatctcctt acagttacag acattctctc acttgcgttc	60
	ttgtttcttt tacaaaacag atacactatg tttccgagag agtccctctg atattggcct	120
	ggttcactca gattctcttt tactaactca tctgattgag ccgtgtcaat atctcagtcc	180
	tctctcg	187
10	<210> 410 <211> 246 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 410	
	tctcacaact tcaacttccc tctttctcta tattacgctt ttgcccctca ctccctcttt	60
	ccacaattag ggtttcgtct gctctacatg accctctctg tattcttcca cagctttctt	120
	gaactgcaaa acttcttcag attttttttt ttttcttttg atatctctta cgcataaaat	180
	agtgattttc ttcatactct tgctcgattg atttgcgggt caataaagct gtgggaagat	240
	acagac	246
15	<210> 411 <211> 631 <212> ADN <213> Arabidopsis thaliana <400> 411	

ES 2 729 402 T3

gaataaccaa ccagccttct ctcaaagcaa accaaaaaga aaaaccaaca ttgaaagagg	60
aagttacgat aagcggagca gtaatagggc atctttctat tggcaggcga cttggctatt	120
tgtatctttt gtgttcttga ctattggcta tgtcacttgc caaaggagag ttgccctgtc	180
actgcttccg cttaaacaca gtctataacc ggttctgcta atatcaatcc ttcttttgga	240
catgtccaaa gccgagattg attgatagag aattgggtctc tctgggtaca aaactagtgc	300
ggttctctcg atttaagttt taatagcatt cactttgcac attgcatctt tcacatcaaa	360
tttccatttc atcaaccatc taaacctctt tgtagcttt gatataagca acgatctaaa	420
gtctaaaaac cattaatcct ctgaaaaaaa agacaatttc gatggttcta ttatgtttct	480
ccaatgcaga aattgtatcg tctgaattat agtagatttt ttctagacta aagtgtaaac	540
caagacgaat ctgcactaac aagacacacc aatagacttt acagagaaaag gttacgagtt	600
ttgaaaatat taacggacca tagtcatcgc g	631

5	<210> 412 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana <400> 412 uugacagaag auagagagca c 21
10	<210> 413 <211> 20 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana <400> 413 ugacagaaga uagagagcac 20
15	<210> 414 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana <400> 414 ugccuggcuc ccugaugcc a 21
20	<210> 415 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana <400> 415
25	uggagaagca gggcacgugc a 21 <210> 416 <211> 21 <212> ARN <213> Arabidopsis thaliana
30	<400> 416 ucggaccagg cuucauuccc c 21

	<210> 417	
	<211> 21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
5	<400> 417	
	ucggaccagg cuucauuccc c	21
	<210> 418	
	<211> 21	
	<212> ARN	
10	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 418	
	cagccaagga ugacuugccg a	21
	<210> 419	
	<211> 21	
15	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 419	
	uagccaagga ugacuugccu g	21
	<210> 420	
20	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 420	
	uagccaagga ugacuugccu g	21
25	<210> 421	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 421	
30	ugauugagcc gugucaauau c	21
	<210> 422	
	<211>21	
	<212> ARN	
	<213> Arabidopsis thaliana	
35	<400> 422	
	uuccacagcu uucuugaacu g	21
	<210> 423	
	<211>21	
	<212> ARN	
40	<213> Arabidopsis thaliana	
	<400> 423	
	ugccaaagga gaguugcccu g	21
	<210> 424	
	<211> 13	
45	<212> PRT	
	<213> Medicago truncatula	
	<400> 424	

	Met	Val	Lys	Glu	Ser	Phe	Met	Glu	Arg	Leu	Lys	Val	Arg			
	1				5					10						
	<210> 425															
	<211> 42															
	<212> ADN															
5	<213> Medicago truncatula															
	<400> 425															
	atgggtcaaag agtctttcat ggagaggttg aaagtgagat ga 42															
	<210> 426															
	<211> 291															
10	<212> ADN															
	<213> Medicago truncatula															
	<400> 426															
	tggataagtt aatttatggt caaagagtct ttcattggaga ggttgaaagt gagatgaagc 60															
	caaggatgac ttgccggtat aatagtaatt tgccacaaat ctagatagct attagctatg 120															
	tttggtatggg cggtgagatt aacaaaatta cagcagcatt gtgattttgt tgatgcttta 180															
	aagtgtatgtt tttatcaaaa ttacagtggg tcaactgtaat tatgagaatc tcaccgtcaa 240															
	tctaaatatg catttagttt catttccggc aggtcatcct tcggctatat t 291															
	<210> 427															
15	<211>21															
	<212> ARN															
	<213> Medicago truncatula															
	<400> 427															
	aagccaagga ugacuugccg g 21															
20	<210> 428															
	<211> 20															
	<212> PRT															
	<213> Secuencia Artificial															
	<220>															
25	<223> Cebador															
	<400> 428															
	Leu	Ile	Val	Ser	His	Leu	Tyr	Ser	Glu	Lys	Phe	Asp	Cys	Met	Arg	Lys
	1				5					10					15	
	Ile Leu Arg Ile															
	20															
	<210> 429															
	<211> 20															
30	<212> ADN															
	<213> Secuencia Artificial															
	<220>															
	<223> Cebador															
	<400> 429															
35	tccccaaatt cttgaccaa 20															

<210> 430
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 5 <220>
 <223> Cebador
 <400> 430
 ttgaggggaa aacatgaacc 20
 10 <210> 431
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 15 <400> 431
 acgaaatccg tctcatttgc 20
 <210> 432
 <211> 20
 <212> ADN
 20 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 432
 ggggtgaagag ctcatgttgg 20
 25 <210> 433
 <211> 19
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 30 <223> Cebador
 <400> 433
 tgaggggaat gttgtctgg 19
 <210> 434
 <211> 19
 35 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 434
 40 gaagcctggt ccgaggata 19
 <210> 435
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 45 <220>
 <223> Cebador
 <400> 435

	cgagtcgccaaattcaaac	20
	<210> 436	
	<211> 20	
5	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 436	
	gctcccttca gtccaatcaa	20
10	<210> 437	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
15	<223> Cebador	
	<400> 437	
	gcaactgcag tggaatagca	20
	<210> 438	
	<211> 20	
20	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 438	
25	gcgacctca tgggttctaa	20
	<210> 439	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
30	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 439	
	ctcagcatca gcaacgtgat	20
	<210> 440	
35	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
40	<400> 440	
	aactctgcta gggcctcctc	20
	<210> 441	
	<211> 20	
45	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	

<400> 441
 tcacaactcc tcagcattcg 20
 <210> 442
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 442
 10 acccaatcaa cagcagttcc 20
 <210> 443
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 15 <220>
 <223> Cebador
 <400> 443
 ggtaacattg tgctcagtg 20
 <210> 444
 20 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 25 <400> 444
 ctcggccttg gagatccaca 20
 <210> 445
 <211> 30
 <212> ADN
 30 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 445
 tcatcgatga atatacatatc ataccatcat 30
 35 <210> 446
 <211> 33
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 40 <223> Cebador
 <400> 446
 tccgcatcct ctaaaagcta aagtgattct aaa 33
 45 <210> 447
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 447
 tcatcgagag agagcttct tgagtc 26
 5 <210> 448
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 10 <400> 448
 tccggatcca gagggagctc ccttcagt 28
 <210> 449
 <211> 26
 <212> ADN
 15 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 449
 tcatcggttg aggggaatgt tgtctg 26
 20 <210> 450
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 25 <223> Cebador
 <400> 450
 tccggatccg ttggggggga tgaagcc 27
 <210> 451
 <211> 28
 30 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 451
 35 tcatcgatga gggtaagct atttcagt 28
 <210> 452
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 40 <220>
 <223> Cebador
 <400> 452
 tccggatcct aatatcctcg atccagacaa c 31
 <210> 453
 45 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 453	
	cgctcaatt tgaatacatg g	21
5	<210> 454	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
10	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 454	
	acgcggctca atcaaactac	20
15	<210> 455	
	<211> 23	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 455	
20	gcactagctg gttcattat tcc	23
	<210> 456	
	<211> 21	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
25	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 456	
	ttgcaaaatt tggagagcct a	21
30	<210> 457	
	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
35	<400> 457	
	aagcgatggt ggtgaggttc	20
	<210> 458	
	<211> 21	
	<212> ADN	
40	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Cebador	
	<400> 458	
	cggctcaatc tgagatcgta t	21
45	<210> 459	
	<211> 20	
	<212> ADN	

<213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 459
 5 gggcggtag attaacaaaa 20
 <210> 460
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 10 <220>
 <223> Cebador
 <400> 460
 cctgccggaa atgaaactaa 20
 15 <210> 461
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 20 <400> 461
 tcatcgatga tgggttttgg gaagcc 26
 <210> 462
 <211> 30
 <212> ADN
 25 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 462
 tccggatcct acatgtaaat ccgtctcgg 30
 30 <210> 463
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 35 <223> Cebador
 <400> 463
 aggcttctc ataggctctc c 21
 <210> 464
 <211> 39
 40 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 464
 45 tcagtcgct cgaggaataa gtgaatatta tcgatattt 39
 <210> 465

<211> 38
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 5 <223> Cebador
 <400> 465
 aaggaaaaaa gcggccgcaa agtgatattg gcgcggct 38
 <210> 466
 10 <211> 67
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 466
 tagcatgtta ttacaccgct taagtaagtt ctgtaagata gagcgcgata ttgtttacat 60
 tagctag 67
 15 <210> 467
 <211> 67
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 20 <220>
 <223> Cebador
 <400> 467
 cgtactagct aatgtaaaca atatcgcgct ctatcttaca gaacttactt aagcgggtgta 60
 ataacat 67
 25 <210> 468
 <211> 38
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 30 <400> 468
 aaaaggtctc gccataagca tagtgaata atgaaacc 38
 <210> 469
 <211> 37
 35 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 469
 40 aaaaggtctc gccattcca tacctgaatt tctcctt 37
 <210> 470
 <211> 38
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

<220>
 <223> Cebador

 <400> 470
 aaaaggtctc gccatcttca tctcaatat cctaattc 38

 5 <210> 471
 <211> 44
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 10 <220>
 <223> Cebador

 <400> 471
 aggtctcgac acagatatat atactatgtc tcttcaatt ttgc 44

 15 <210> 472
 <211> 35
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Cebador

 <400> 472
 20 aaaggtctcg ccatgaccat ttcccacga atatg 35

 <210> 473
 <211> 36
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 25 <220>
 <223> Cebador

 <400> 473
 aaggtctcga cacaagcata gtggaataat gaaacc 36

 30 <210> 474
 <211> 38
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Cebador

 35 <400> 474
 aaggtctcga cacagatata tatactatgt ctcttca 38

 <210> 475
 <211> 22
 <212> ADN
 40 <213> Secuencia Artificial

 <220>
 <223> Cebador

 <400> 475
 gaattcctgc ccatggtttt cg 22

 45 <210> 476
 <211> 22
 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 476
 5 cgaaaaccat gggcaggaat tc 22
 <210> 477
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 10 <220>
 <223> Cebador
 <400> 477
 cagtcccgac ttaagctca tac 23
 15 <210> 478
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 20 <400> 478
 gtattgagct taagtcgga ctg 23
 <210> 479
 <211> 43
 <212> ADN
 25 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 479
 aaaggtctcc tagcttggtc aaacatacat acagtagcac tag 43
 30 <210> 480
 <211> 46
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 35 <223> Cebador
 <400> 480
 aaaggtctcg cgtaaaattg tactgattga atgtaaattg gtacac 46
 <210> 481
 <211> 22
 40 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 481
 45 tagcatgttt tccctcaat ga 22
 <210> 482

<211> 22
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 5 <223> Cebador
 <400> 482
 cgtatcattg aggggaaaac at 22
 <210> 483
 10 <211> 36
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 483
 15 aaaggtctcc tagcactcat aactctcccc aaattc 36
 <210> 484
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 20 <220>
 <223> Cebador
 <400> 484
 aaaggtctcg cgtagaaaga atgttcgaaa aacaatg 37
 <210> 485
 25 <211> 35
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 30 <400> 485
 aggtctccaa atcatgaagc aggcagtaat aacct 35
 <210> 486
 <211> 64
 <212> ADN
 35 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 486
 aggtctctcgcg tactaagcgt aatctggaac atcgtatggg tataatatcc tcgatccaga 60
 caac 64
 40 <210> 487
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>

<223> Cebador
 <400> 487
 aggtctcgcc atagtggcgg agacgaagat g 31
 5 <210> 488
 <211> 34
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 10 <400> 488
 aggtctcgcc attaatatcc tcgatccaga caac 34
 <210> 489
 <211> 34
 <212> ADN
 15 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 489
 aggtctccaa attaaactgt cagtgcattg atgt 34
 20 <210> 490
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 25 <223> Cebador
 <400> 490
 aggtctcgac acattcacia attttgttg tagagag 37
 30 <210> 491
 <211> 37
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 491
 35 aggtctcgac acattaacia attttgttg tagagag 37
 <210> 492
 <211> 36
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 40 <220>
 <223> Cebador
 <400> 492
 aggtctcgac actagcagat tcacaaattt ttgttg 36
 45 <210> 493
 <211> 35
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial

ES 2 729 402 T3

<220>
<223> Cebador

<400> 493

aggtctcgac accctcatga taatcgatct tagca 35

5

<210> 494
<211> 272
<212> ADN
<213> Drosophila melanogaster
<400> 494

cgcacacaca cacacacaca atcactcaca cgcggtcaca cgcacatttc aataaactaa	60
tggagcctgg ctttgttttt gttttatttc caaccactt gagcacacag cacacacaga	120
gagaaaaatc aatactcggt atgggattaa atttacaaag cgcaaagcaa agcgacaaac	180
aaaattcaaa agaaagaaaa aaaaacactc aaataaactc acaaagaatt ctttatcgcc	240
aagggggcca atgttctaag gttctttcgc ct	272

10

<210> 495
<211> 272
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

15

<220>
<223> Secuencia mutada
<400> 495

cgcacacaca cacacacaca atcactcaca cgcggtcaca cgcacatttc aataaactaa	60
gtgagcctgg ctttgttttt gttttatttc caaccactt aagcacacag cacacacaga	120
gagaaaaatc aatactcggt agtggattaa atttacaaag cgcaaagcaa agcgacaaac	180
aaaattcaaa agaaagaaaa aaaaacactc aaataaactc acaaagaatt ctttatcgcc	240
aagggggcca atgttctaag gttctttcgc ct	272

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento de detección e identificación de un micropéptido (miPEP) codificado por una secuencia de nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de un microARN, que comprende:

- 5 - a) una etapa de detección de una fase de lectura abierta de 12 a 303 nucleótidos contenida en la secuencia de la transcripción primaria de dicho microARN, después
 - b) una etapa de comparación entre:

- 10 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en presencia de un péptido codificado por una secuencia de nucleótidos idéntica o degenerada con respecto a la de dicha fase de lectura abierta, estando dicho péptido presente en la célula independientemente de la transcripción de la transcripción primaria de dicho microARN, y
 • la acumulación de dicho microARN en una célula eucariota del mismo tipo que dicha célula eucariota determinada que expresa dicho microARN, en ausencia de dicho péptido,

- 15 en el que, una modulación de la acumulación de dicho microARN en presencia de dicho péptido con respecto a la acumulación de dicho microARN en ausencia de dicho péptido indica la existencia de un micropéptido codificado por dicha fase de lectura abierta.

- 20 2. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según la reivindicación 1, en el que la modulación de la acumulación de dicho microARN es una disminución o un aumento de la acumulación de dicho microARN, en particular un aumento.

3. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según la reivindicación 1 o 2, en el que la presencia del péptido en la célula da como resultado:

- la introducción en la célula de un ácido nucleico que codifica dicho péptido, o
 - la introducción en la célula de dicho péptido.

- 25 4. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según una de las reivindicaciones precedentes, en el que dicha fase de lectura abierta de la etapa a) está contenida de la parte 5' o 3' de dicha transcripción primaria del microARN, preferentemente en la parte 5'.

- 30 5. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según una de las reivindicaciones precedentes, en el que dicho microARN está presente en una célula vegetal nativa o en una célula animal nativa, y en el que dicha célula eucariota utilizada en la etapa b) es una célula vegetal o es una célula animal.

6. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según la reivindicación 5, en la que dicha célula eucariota utilizada en la etapa b) es una célula vegetal de una planta crucífera, de una planta leguminosa o de una planta solanácea.

- 35 7. Un procedimiento de detección e identificación de un miPEP según la reivindicación 5, en el que dicha célula eucariota utilizada en la etapa b) es una célula animal escogida de entre una célula humana o una célula de drosófila.

8. Un miPEP escogido de entre el grupo de péptidos que consiste en:

- SEQ ID NO: 1 a SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
 - SEQ ID NO: 375 a SEQ ID NO: 386, o
 - SEQ ID NO: 424.

- 40 9. Una molécula de ácido nucleico que codifica un miPEP tal como se define según la reivindicación 8, escogiéndose dicha molécula de ácido nucleico de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

- SEQ ID NO: 105 a SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356,
 - SEQ ID NO: 387 a SEQ ID NO: 399, o
 - SEQ ID NO: 425.

- 45 10. La utilización de al menos:

- un miPEP tal como se define según la reivindicación 8,
 - un ácido nucleico según la reivindicación 9 que codifica dicho miPEP, o
 - un vector que contiene dicho ácido nucleico,

- 50 para modular la expresión de un gen en una célula eucariota vegetal determinada, siendo capaz dicha célula eucariota vegetal determinada de expresar un microARN, en el que la transcripción primaria

contiene al menos una secuencia de nucleótidos que codifica dicho al menos un miPEP y en el que la acumulación es modulada por dicho al menos un miPEP, siendo regulada la expresión de dicho gen por dicho microARN, escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en:

5 SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76, escogiéndose dicho ácido nucleico de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en: SEQ ID NO: 163, SEQ ID NO: 164, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 147, SEQ ID NO: 180,

escogiéndose dicho microARN de entre el grupo de ácidos nucleicos que consiste en:

10 SEQ ID NO: 319, SEQ ID NO: 297, SEQ ID NO: 305, SEQ ID NO: 331.

11. Un procedimiento de modulación de la expresión de un gen regulada por un microARN en una célula eucariota vegetal, que comprende llevar a cabo una etapa de acumulación de un miPEP en dicha célula eucariota, escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en: SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76

15 en el que, la acumulación de dicho miPEP en dicha célula eucariota induce una modulación de la expresión de dicho gen con respecto a la expresión de dicho gen sin acumulación de dicho miPEP.

12. La utilización de una composición que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define según la reivindicación 8, a excepción de los miPEP de las secuencias de SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- 20 - un ácido nucleico según la reivindicación 9 que codifica dicho miPEP, a excepción de los ácidos nucleicos de las secuencias de SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico,

como agente fitofarmacéutico,

- para favorecer el crecimiento y/o el desarrollo de las plantas,
- 25 - o para la modificación de los parámetros fisiológicos de semillas vegetales
- o para prevenir o tratar las enfermedades de las plantas,

aplicándose dicha composición por fumigación y formación de una película sobre dichas semillas vegetales.

13. La utilización de una composición según la reivindicación 12 para la modulación de los parámetros fisiológicos de una planta.

30 14. La utilización de una composición según la reivindicación 13 para la modulación de los parámetros fisiológicos de una planta, escogiéndose dichos parámetros de entre la biomasa, la superficie foliar, la floración y el calibre del fruto.

15. La utilización de una composición según la reivindicación 12 para la modificación de los parámetros fisiológicos de semillas vegetales, escogiéndose dichos parámetros de entre la germinación, la implantación radical y la resistencia al estrés hídrico.

35 16. La utilización de una composición según la reivindicación 12 para favorecer la resistencia a las enfermedades infecciosas.

17. La utilización de una composición que comprende al menos:

- un miPEP tal como se define según la reivindicación 8 a excepción de los miPEP de secuencias SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 104 y SEQ ID NO: 355,
- 40 - un ácido nucleico según la reivindicación 9 que codifica dicho miPEP, a excepción de los ácidos nucleicos de las secuencias de SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 208 y SEQ ID NO: 356, o
- un vector que contiene dicho ácido nucleico,

como un herbicida, para eliminar las plantas o ralentizar su crecimiento, o

como plaguicida para eliminar los organismos perjudiciales para las plantas o susceptibles de clasificarse como tales.

45 18. La utilización de una composición según la reivindicación 17, en la que dicho plaguicida se escoge de entre el grupo que consiste en: un insecticida, un aracnida, un limacida, y un rodenticida.

19. La utilización de una composición según una cualquiera de las reivindicaciones 17 o 18, en la que dicha composición como plaguicida se aplica sobre una planta o sobre un soporte en contacto con la planta.

50 20. Una composición que comprende en combinación una cantidad de semillas de una planta y una cantidad de un péptido en el que la secuencia comprende o consiste en una secuencia idéntica a la de un miPEP presente de manera natural en dicha planta,

escogiéndose dicho miPEP de entre el grupo de péptidos que consiste en: SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 76.

21. Una composición según la reivindicación 20, formulándose dicha composición de manera que forme una semilla revestida.

FIGURA 1

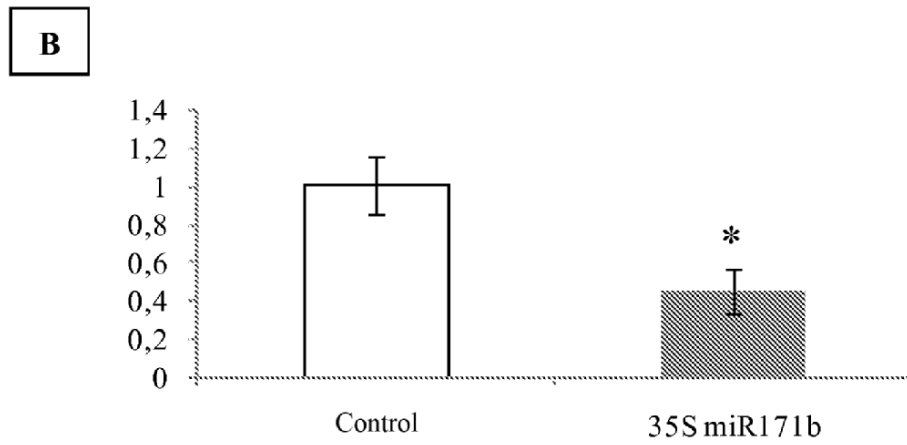
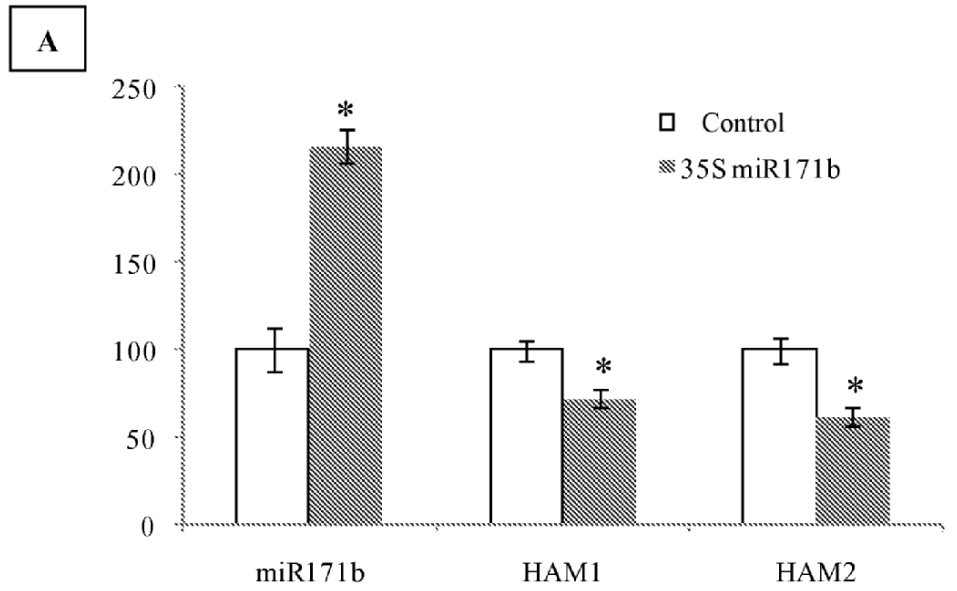


FIGURA 2

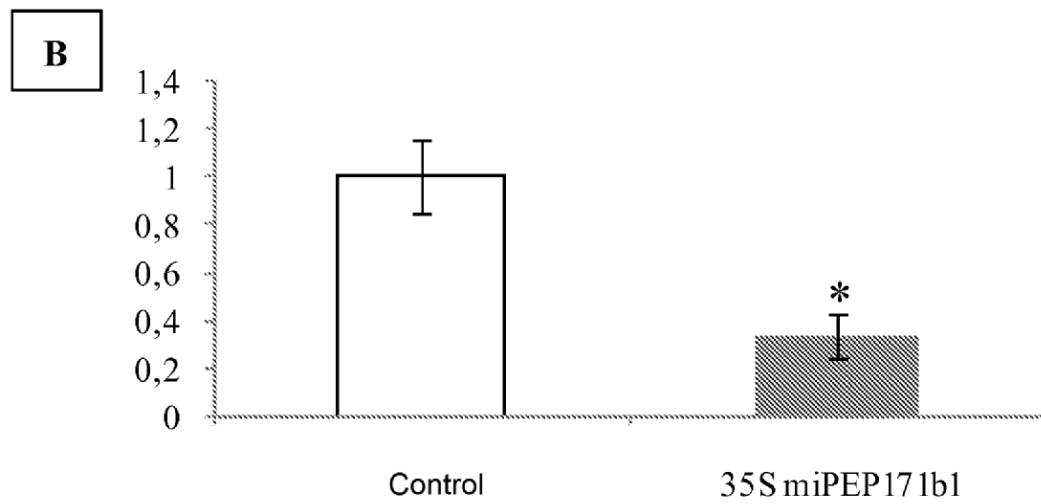
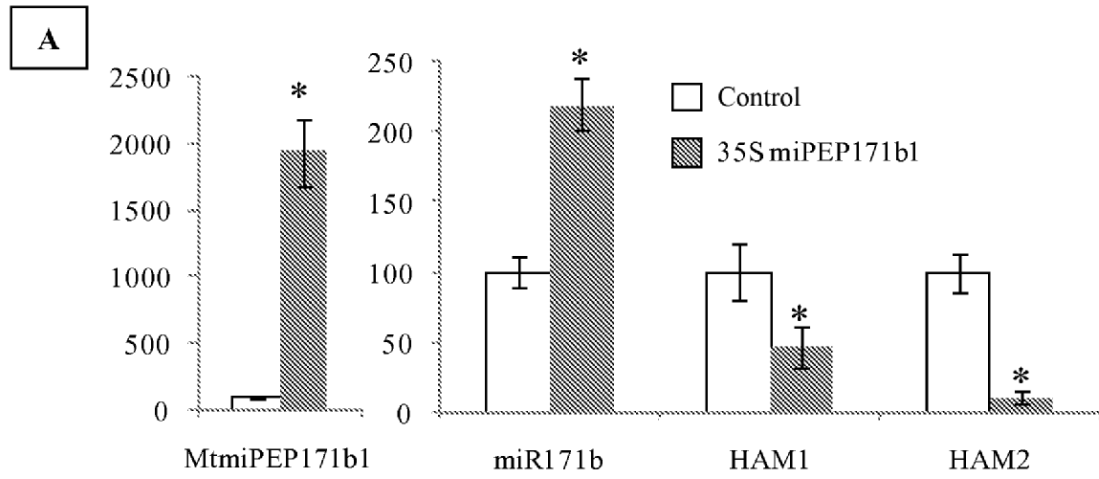


FIGURA 3

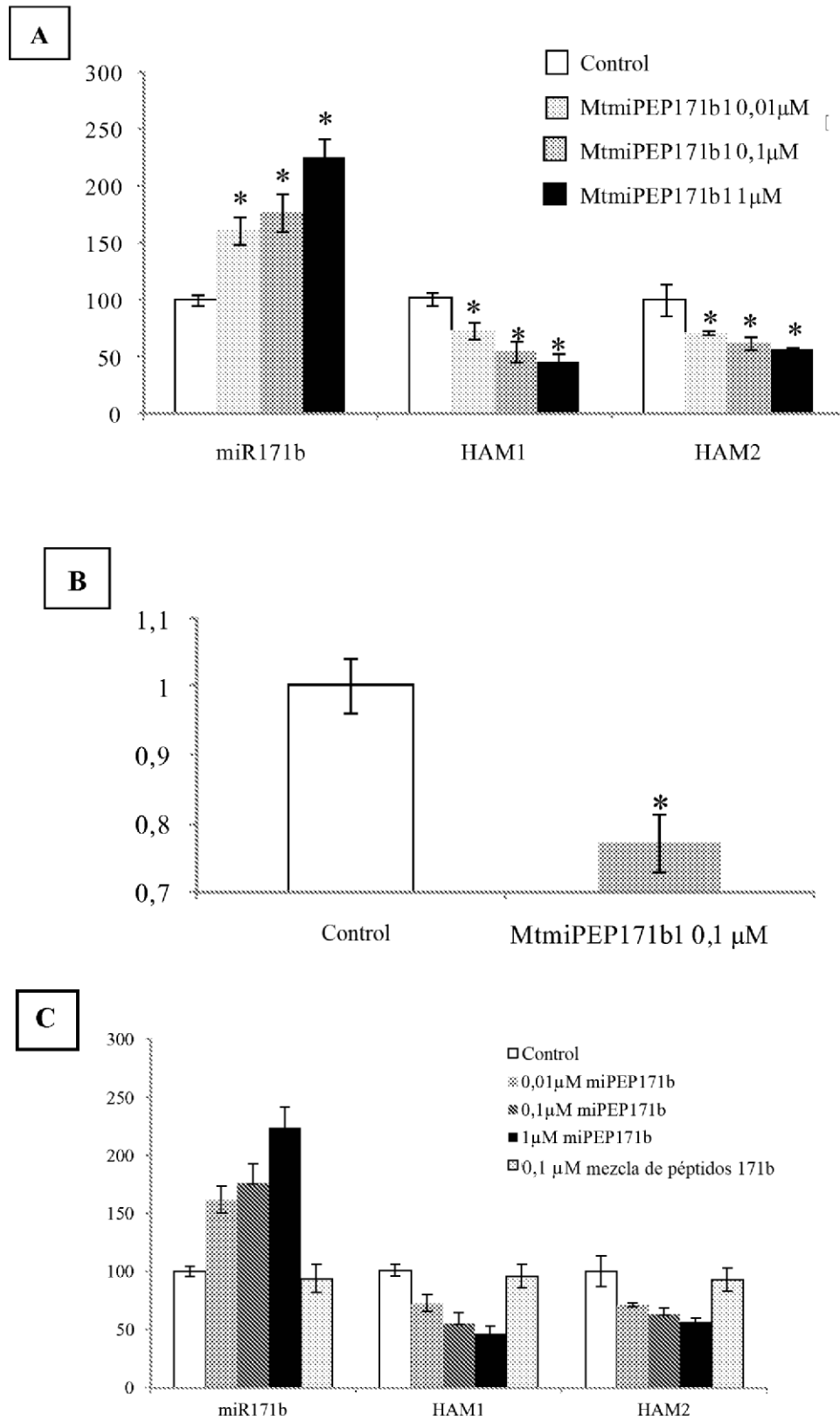
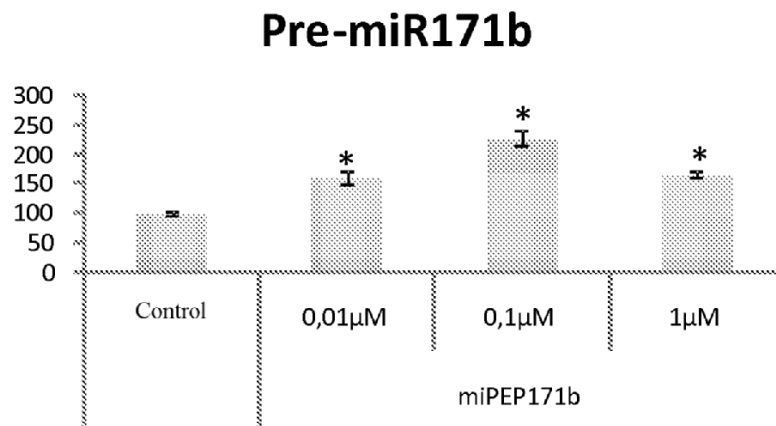


FIGURA 4

A



B

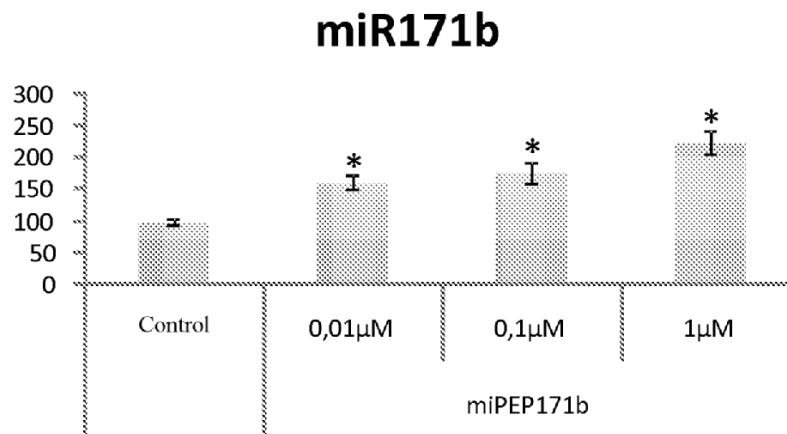


FIGURA 5

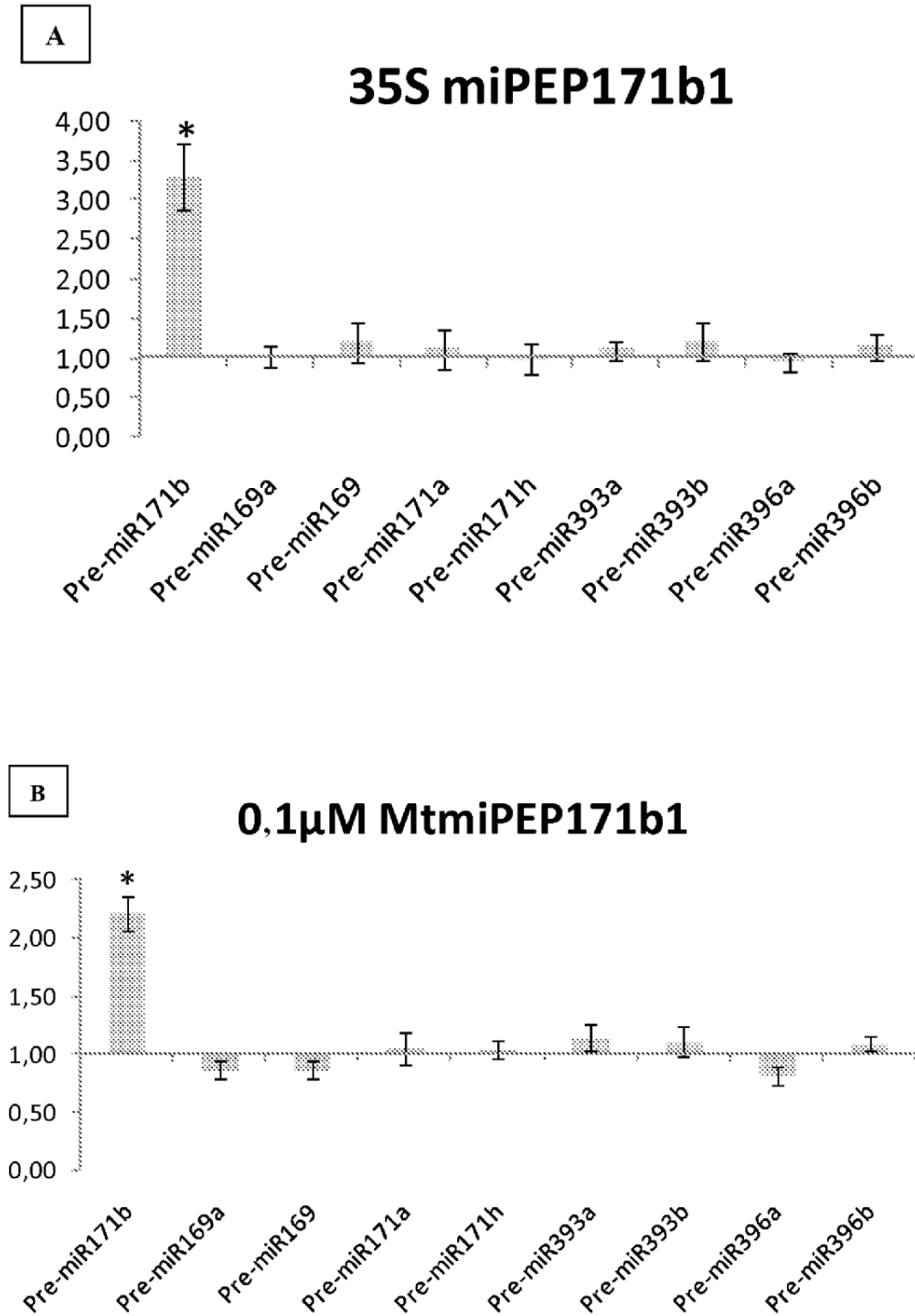


FIGURA 6

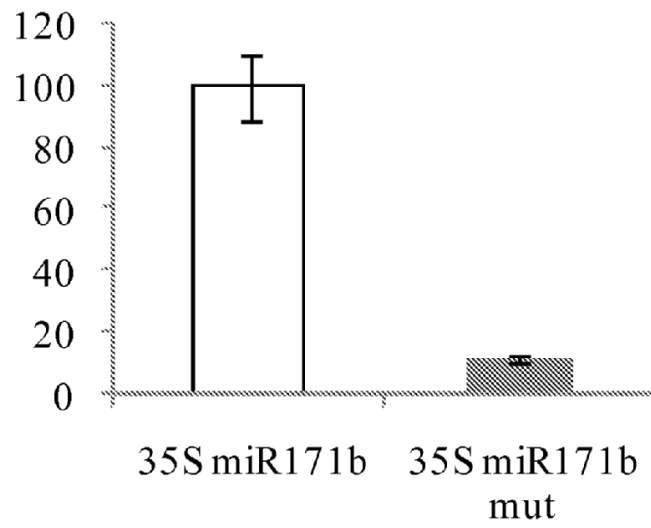


FIGURA 7

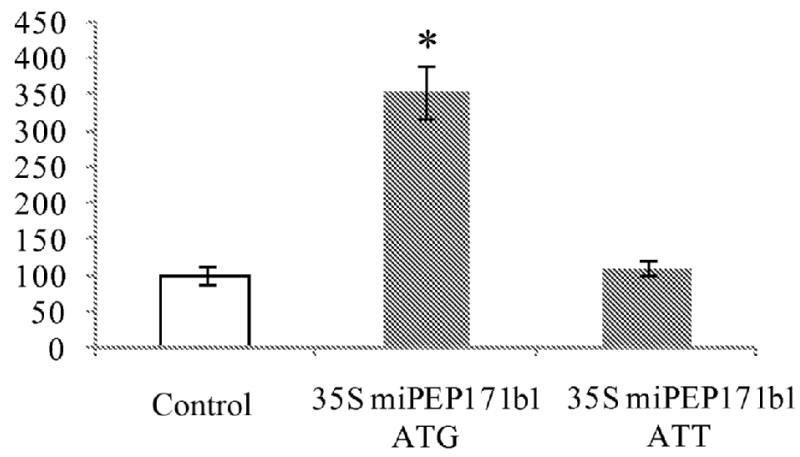


FIGURA 8

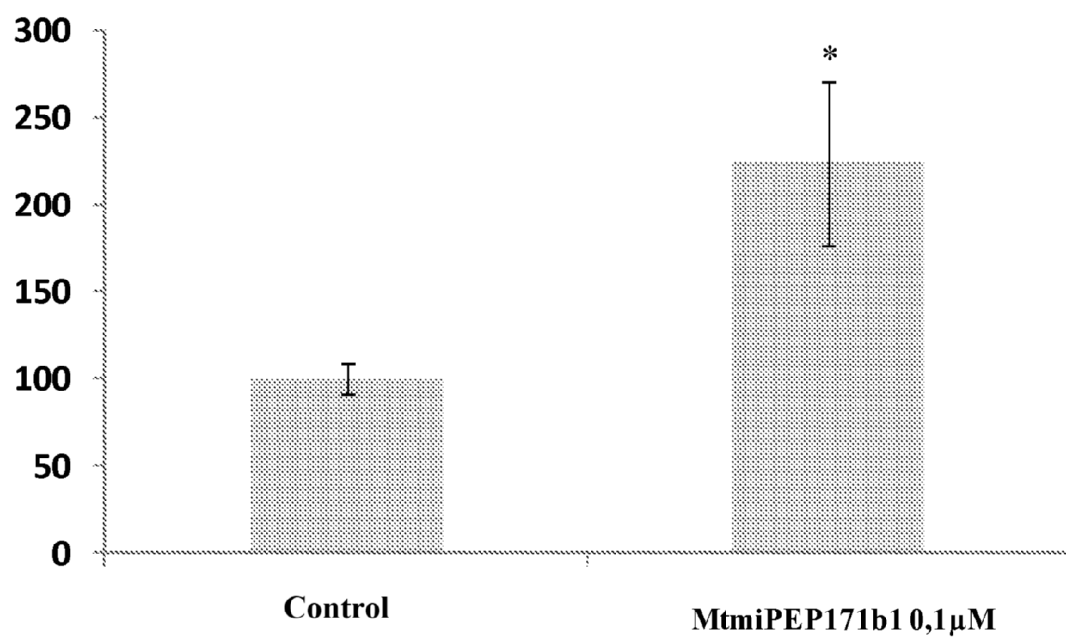


FIGURA 9

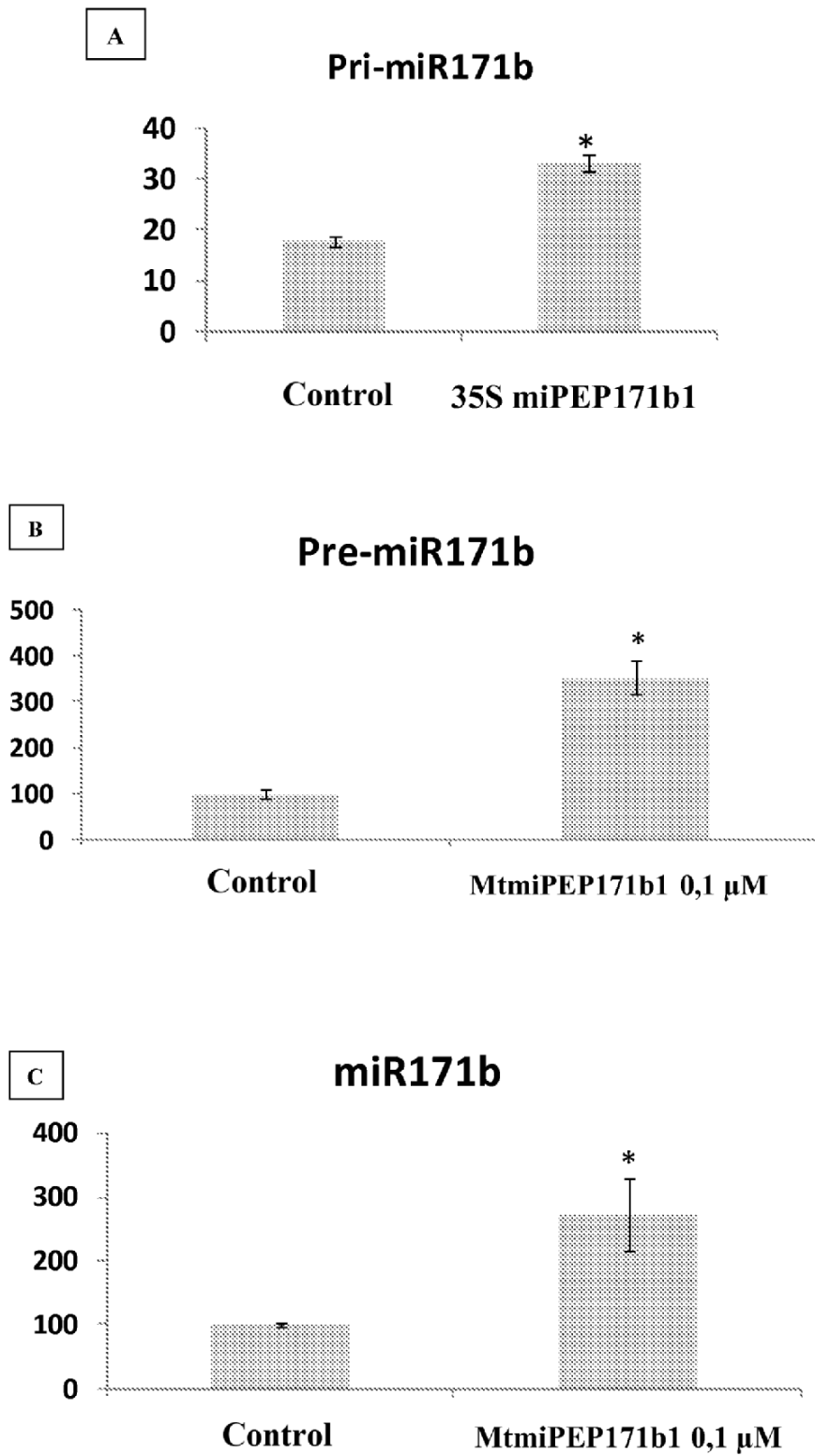


FIGURA 10

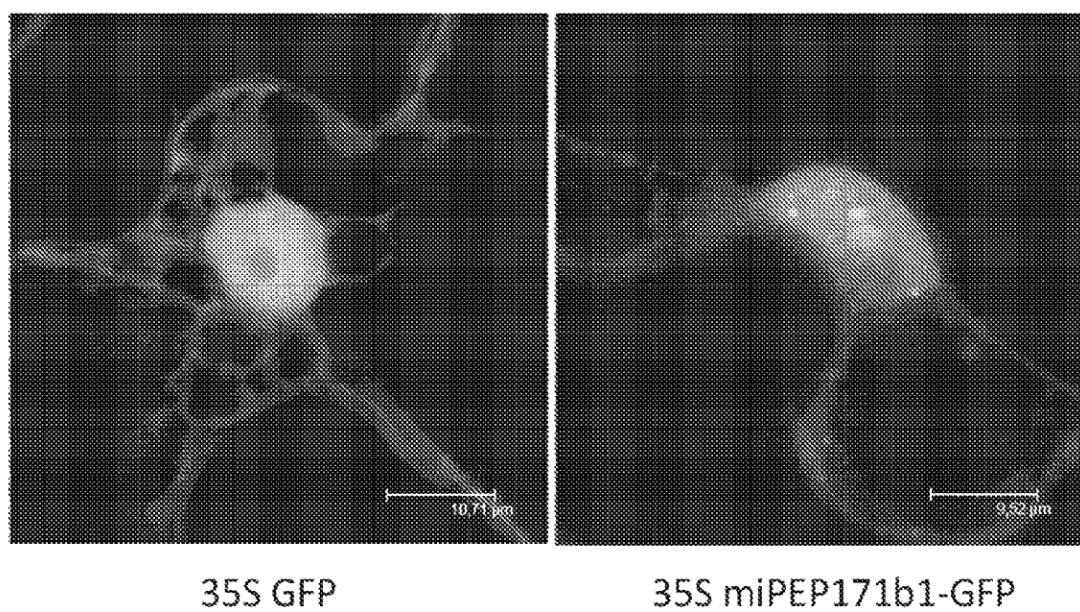


FIGURA 11

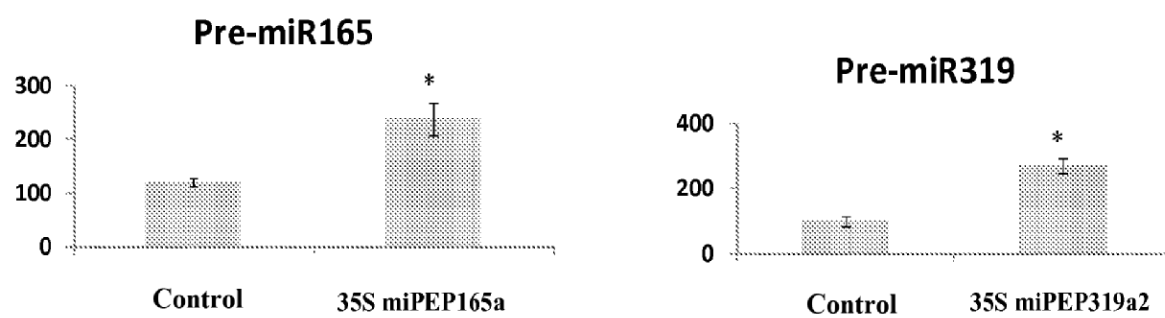


FIGURA 12



Control

AtmiPEP165a 10μM

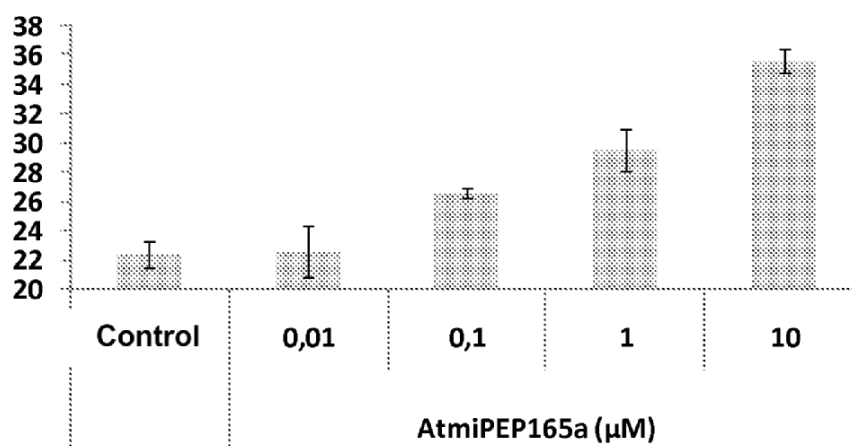


FIGURA 13

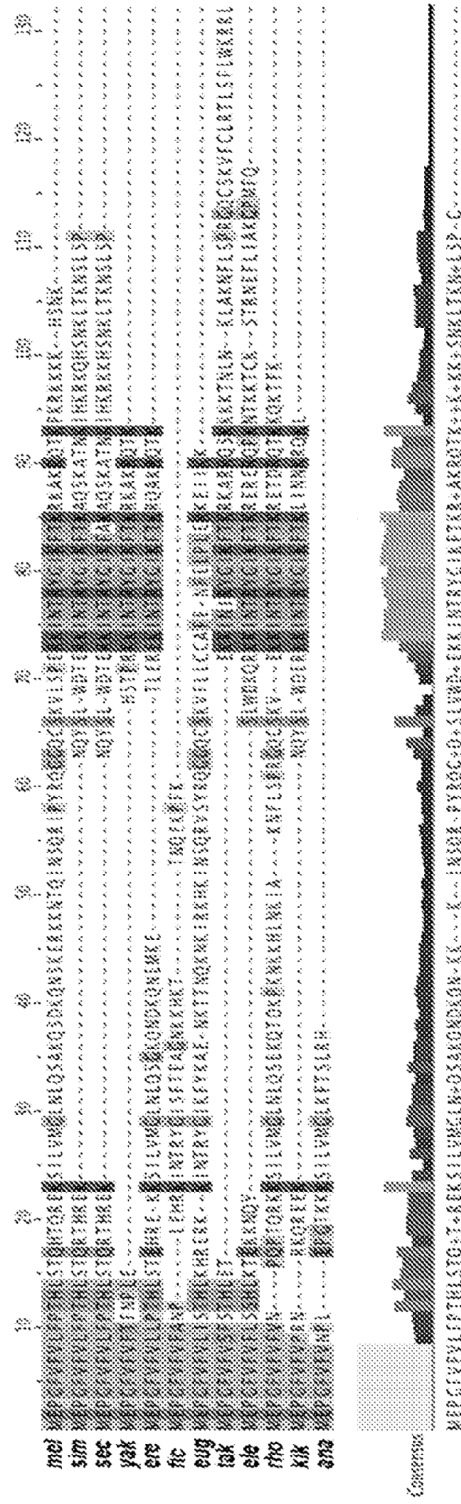


FIGURA 14

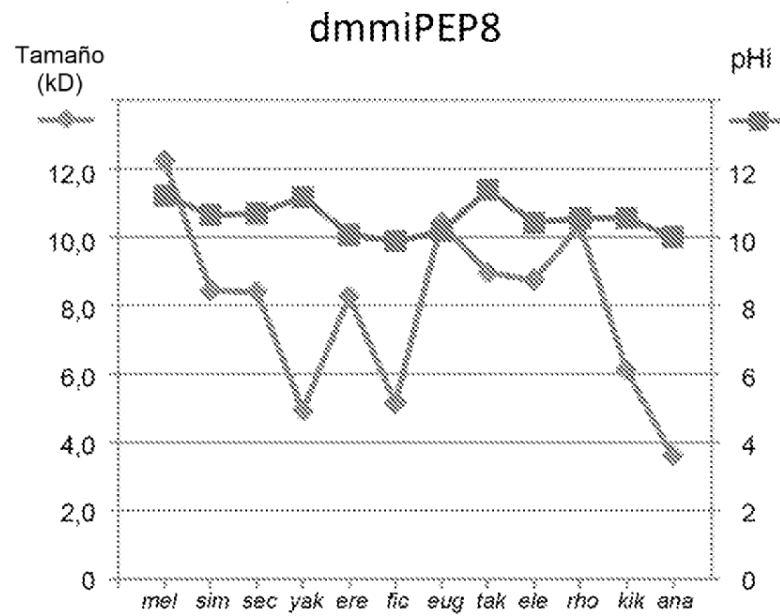


FIGURA 15

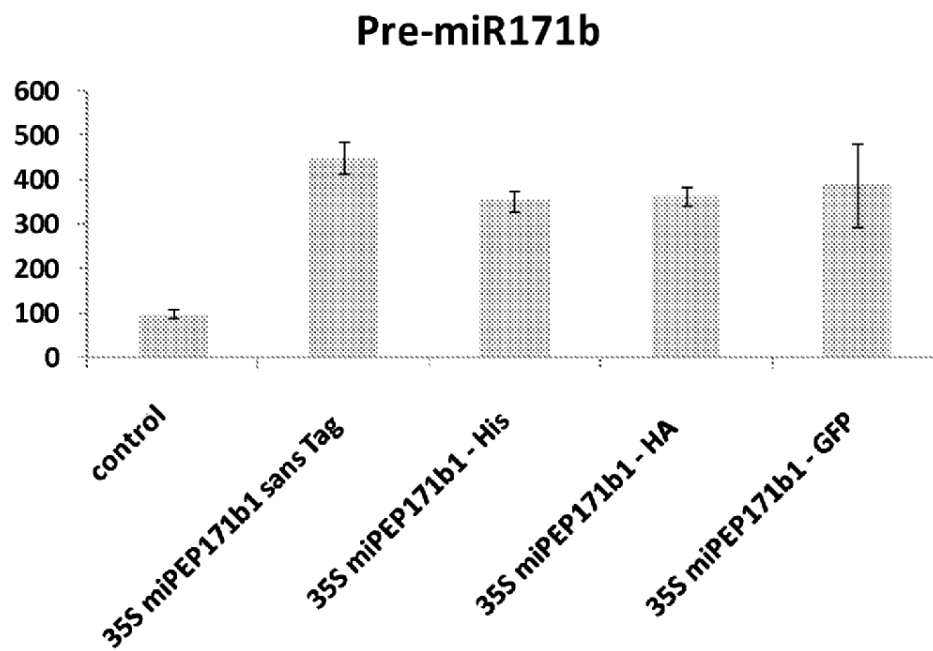


FIGURA 16

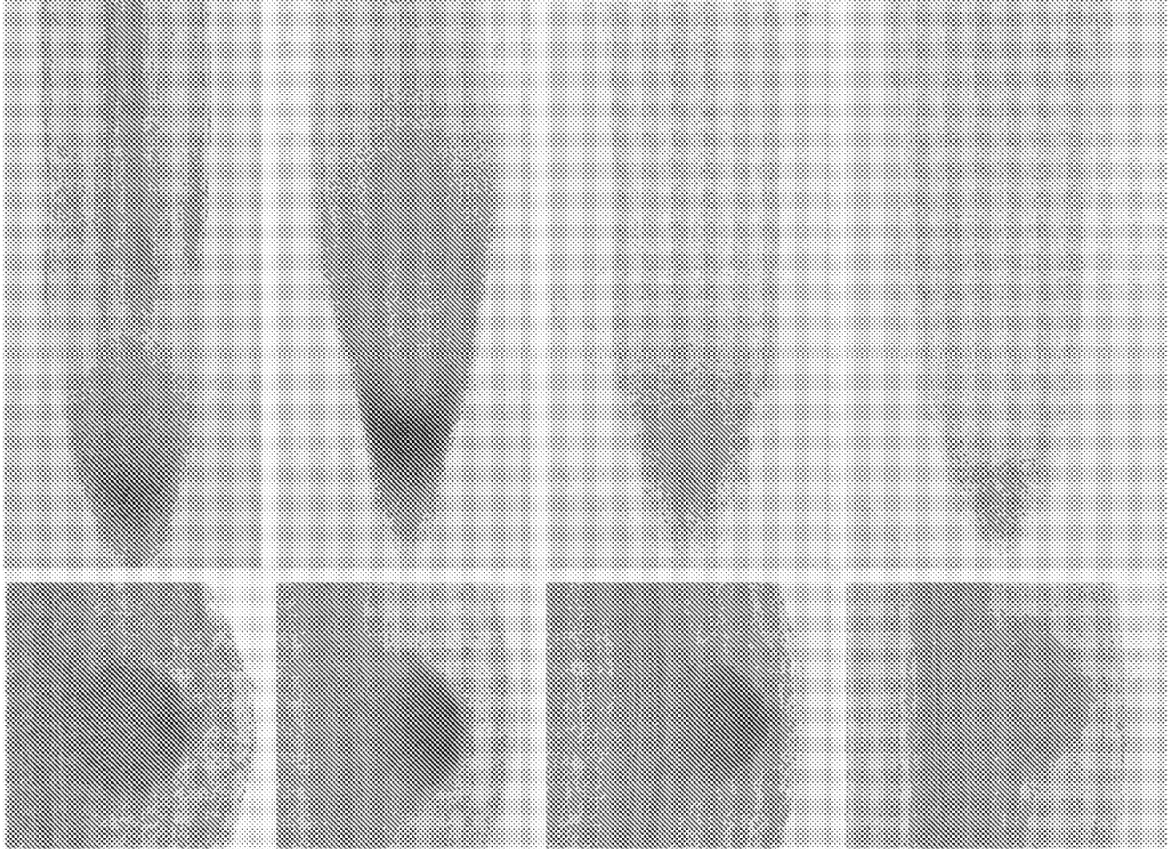


FIGURA 17

Pre-miR8

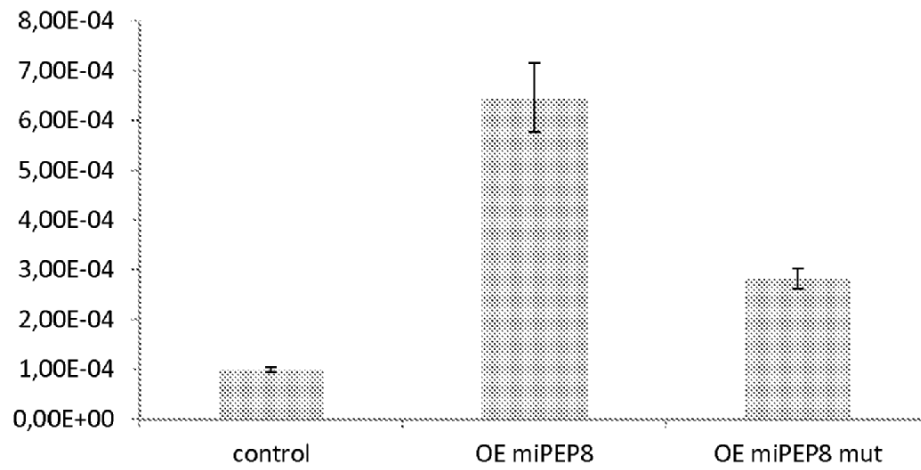


FIGURA 18

Pre-miR8

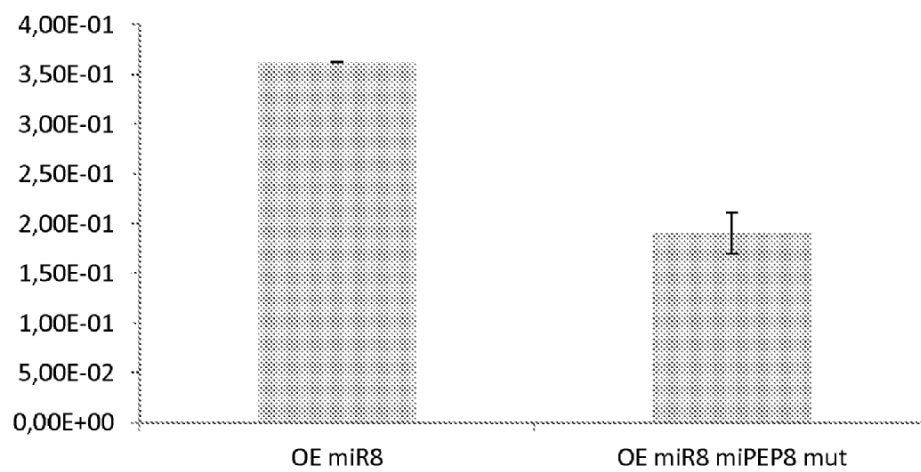


FIGURA 19

Pre-miR155

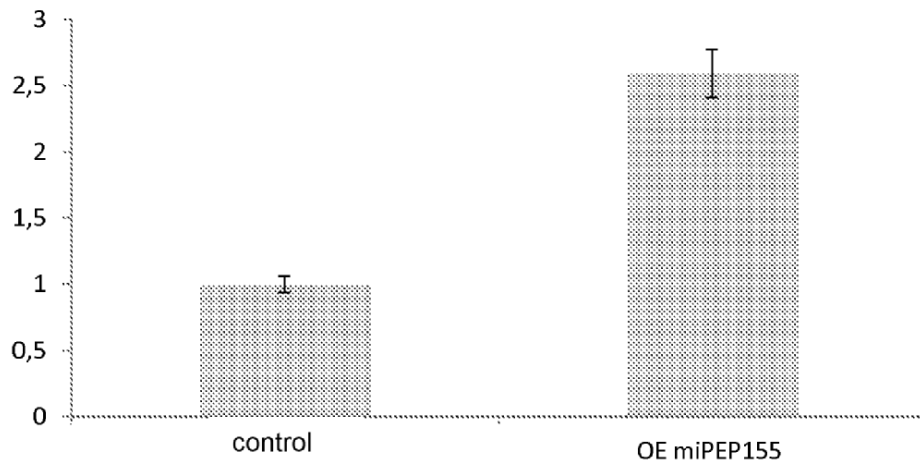


FIGURA 20

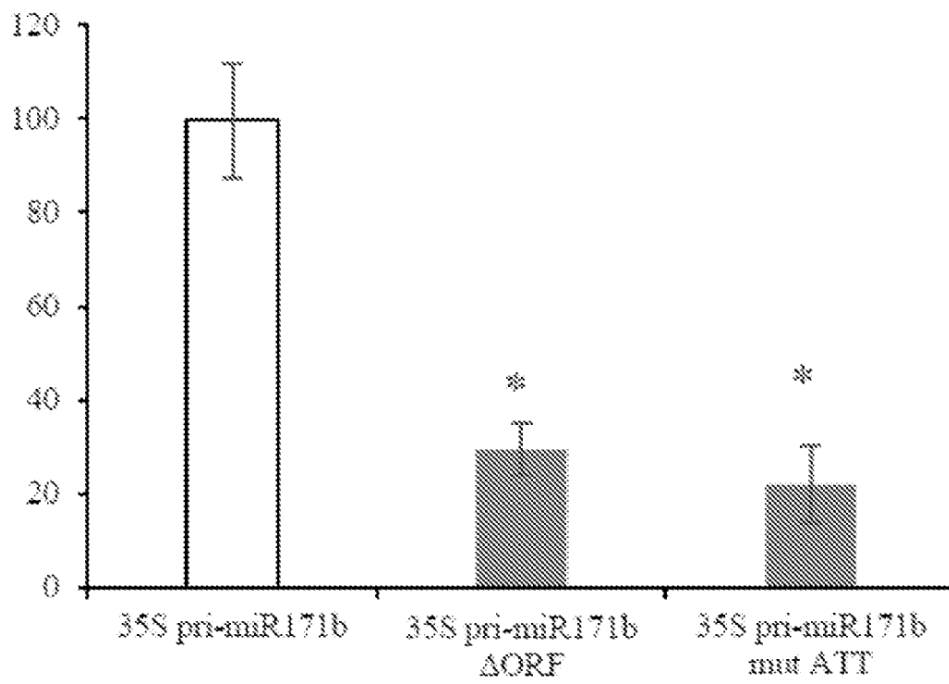


FIGURA 21

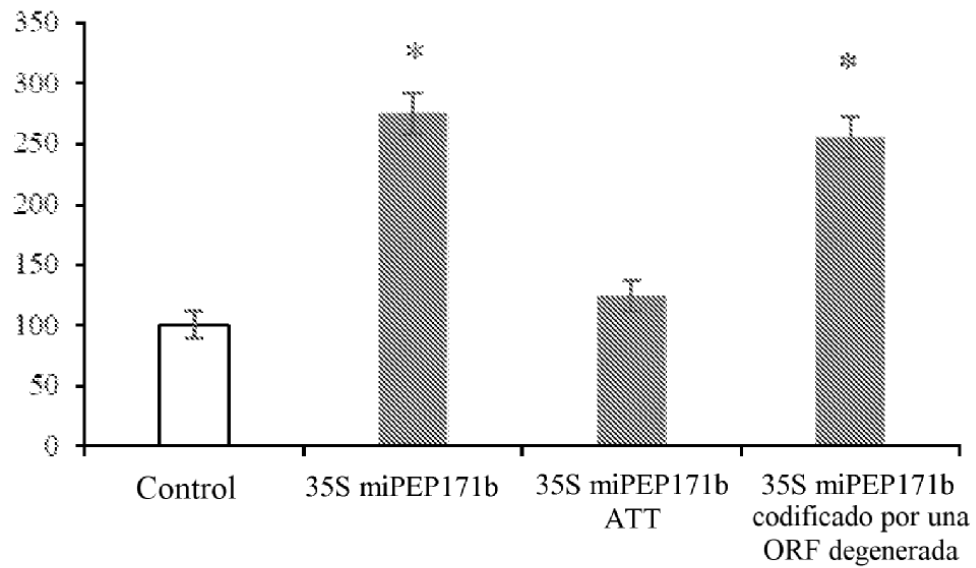


FIGURA 22

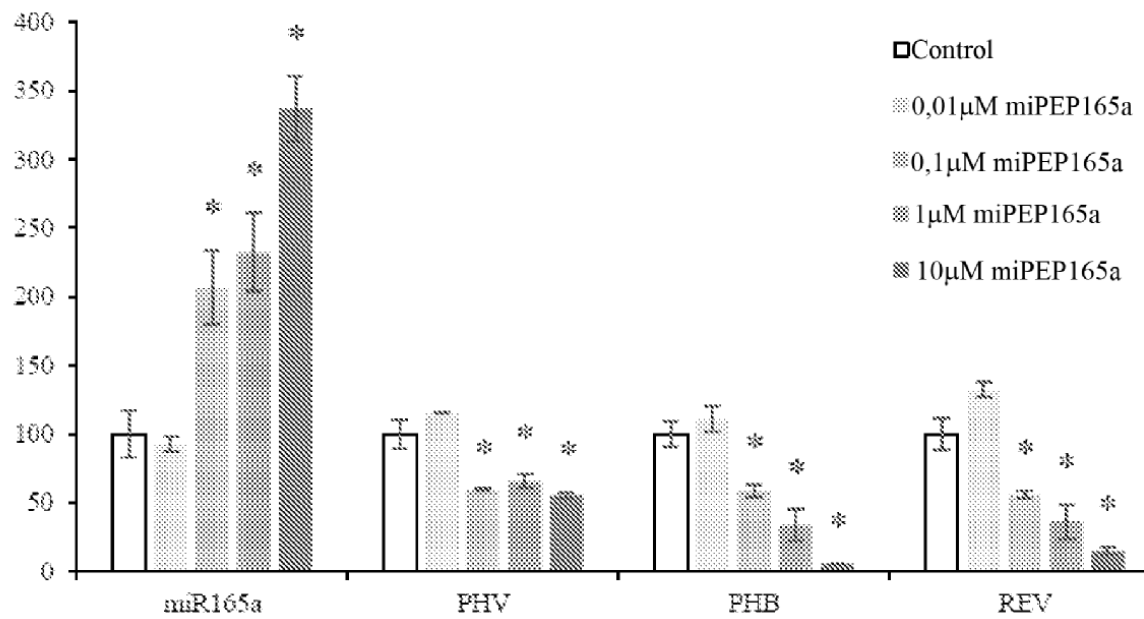


FIGURA 23

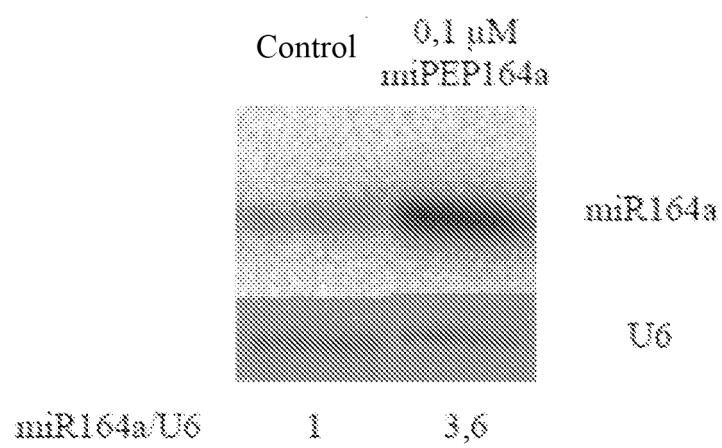
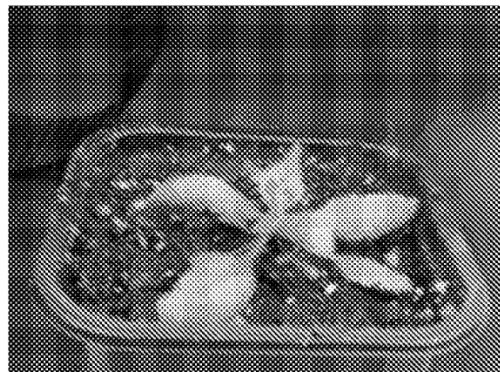
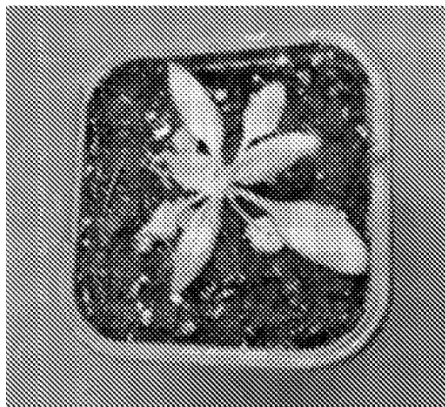


FIGURA 24

A) Planta de control



B) Planta tratada con el miPEP 164a

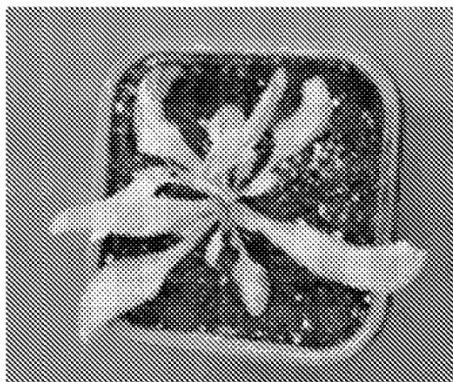


FIGURA 25

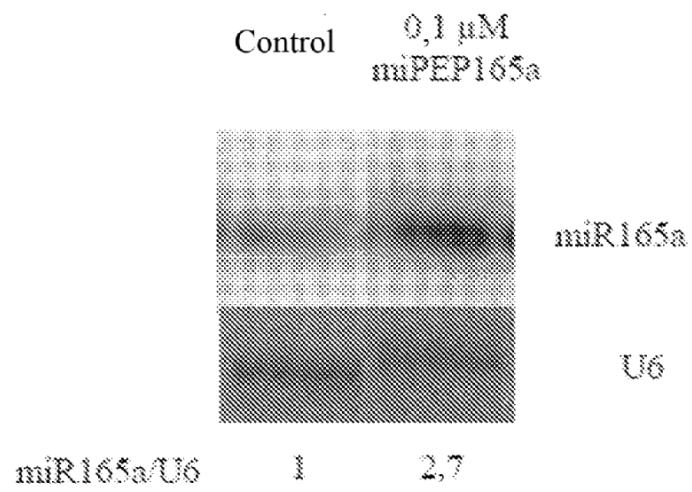


FIGURA 26

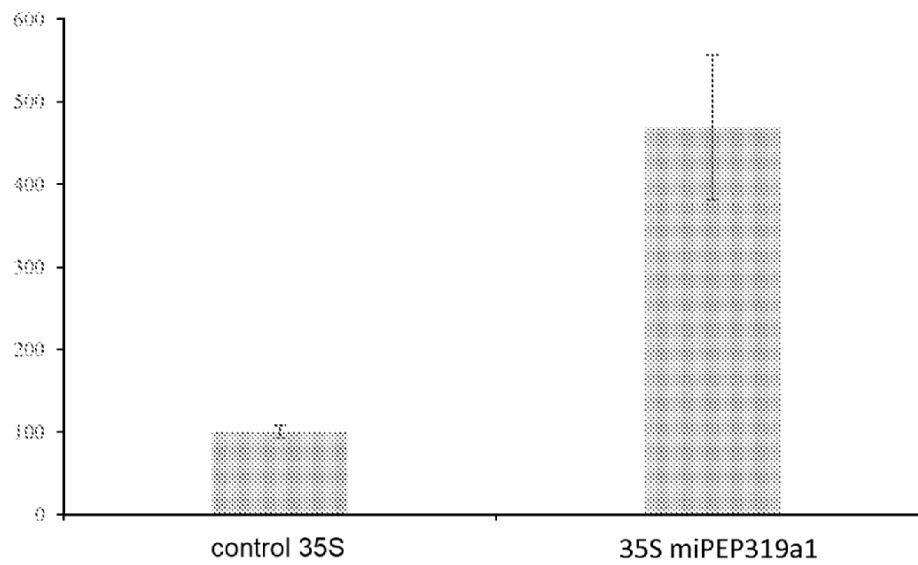
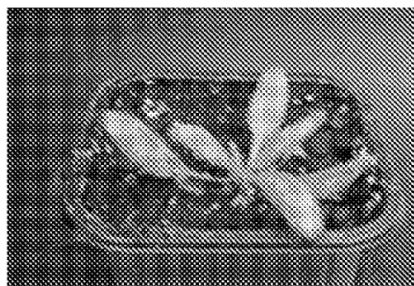
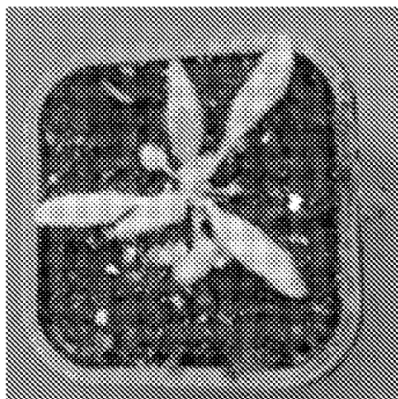


FIGURA 27

A) Planta de control



B) Planta tratada con el miPEP319a

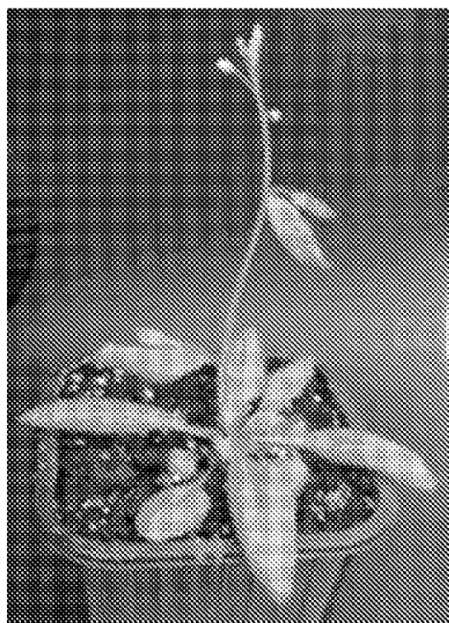
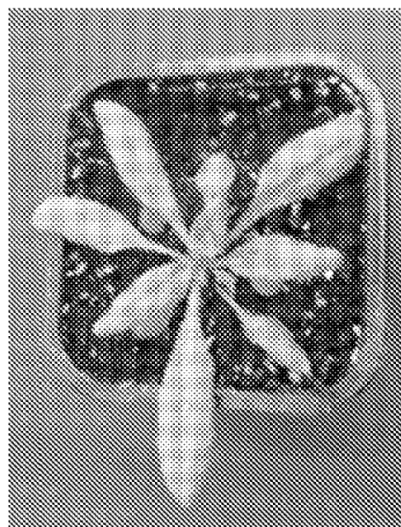


FIGURA 28

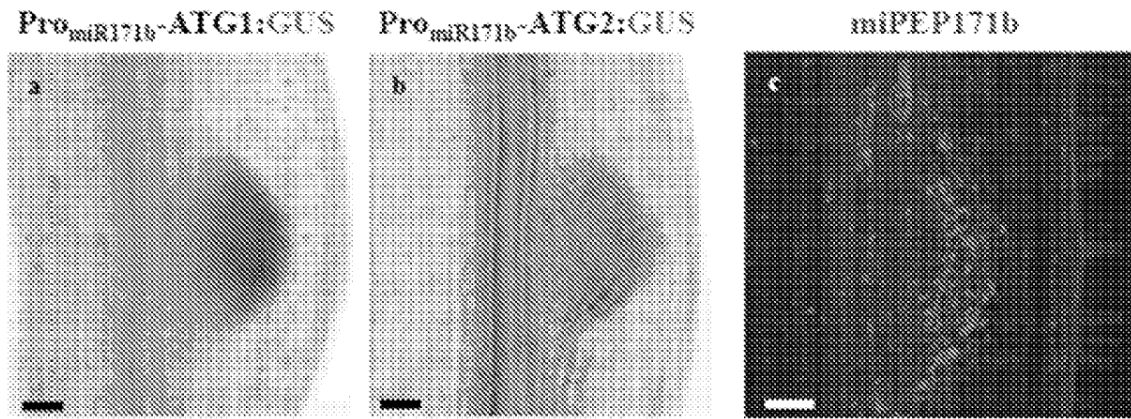


FIGURA 29

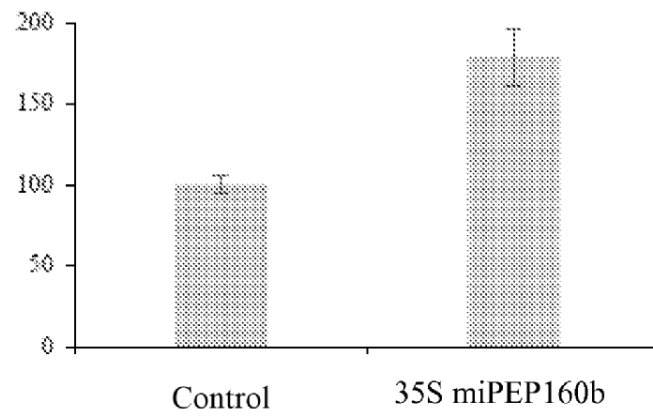


FIGURA 30

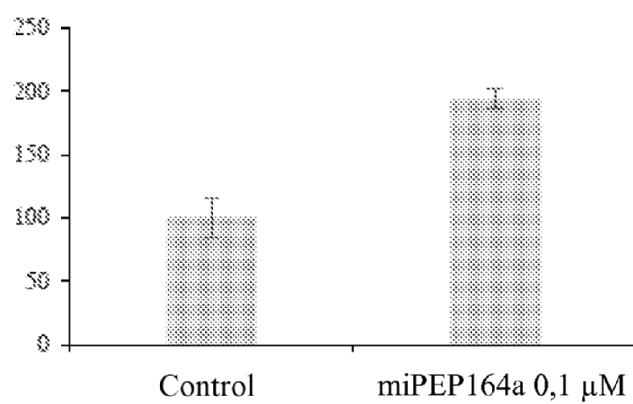


FIGURA 31

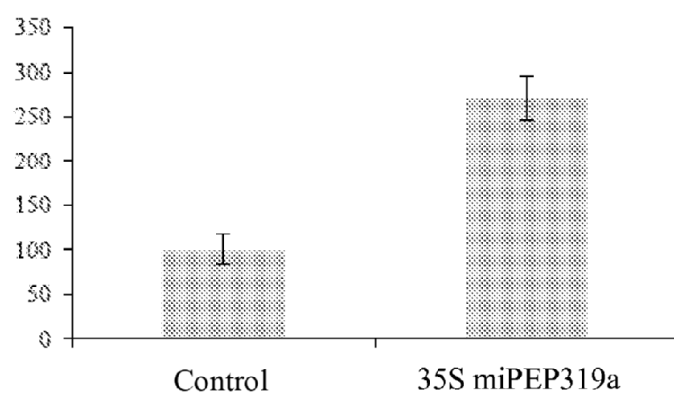


FIGURA 32

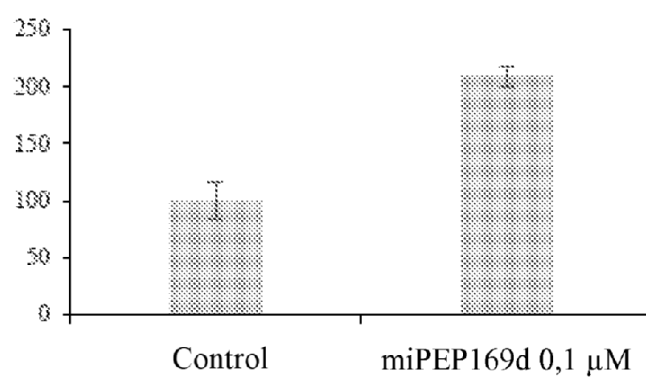


FIGURA 33

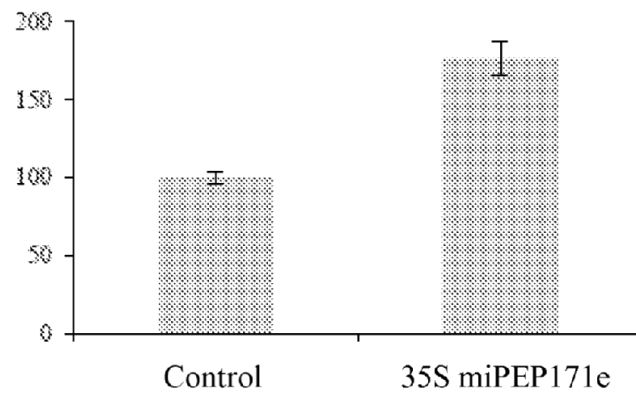


FIGURA 34

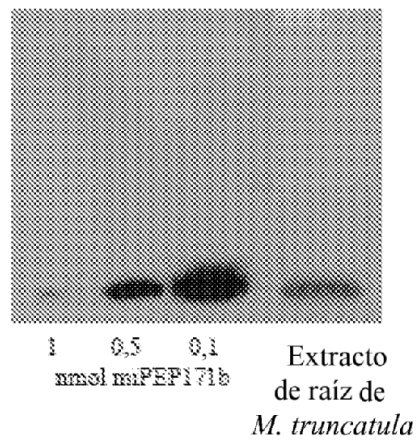


FIGURA 35

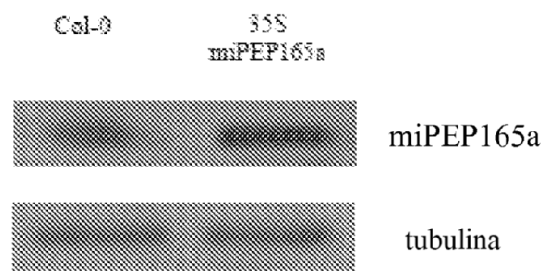


FIGURA 36

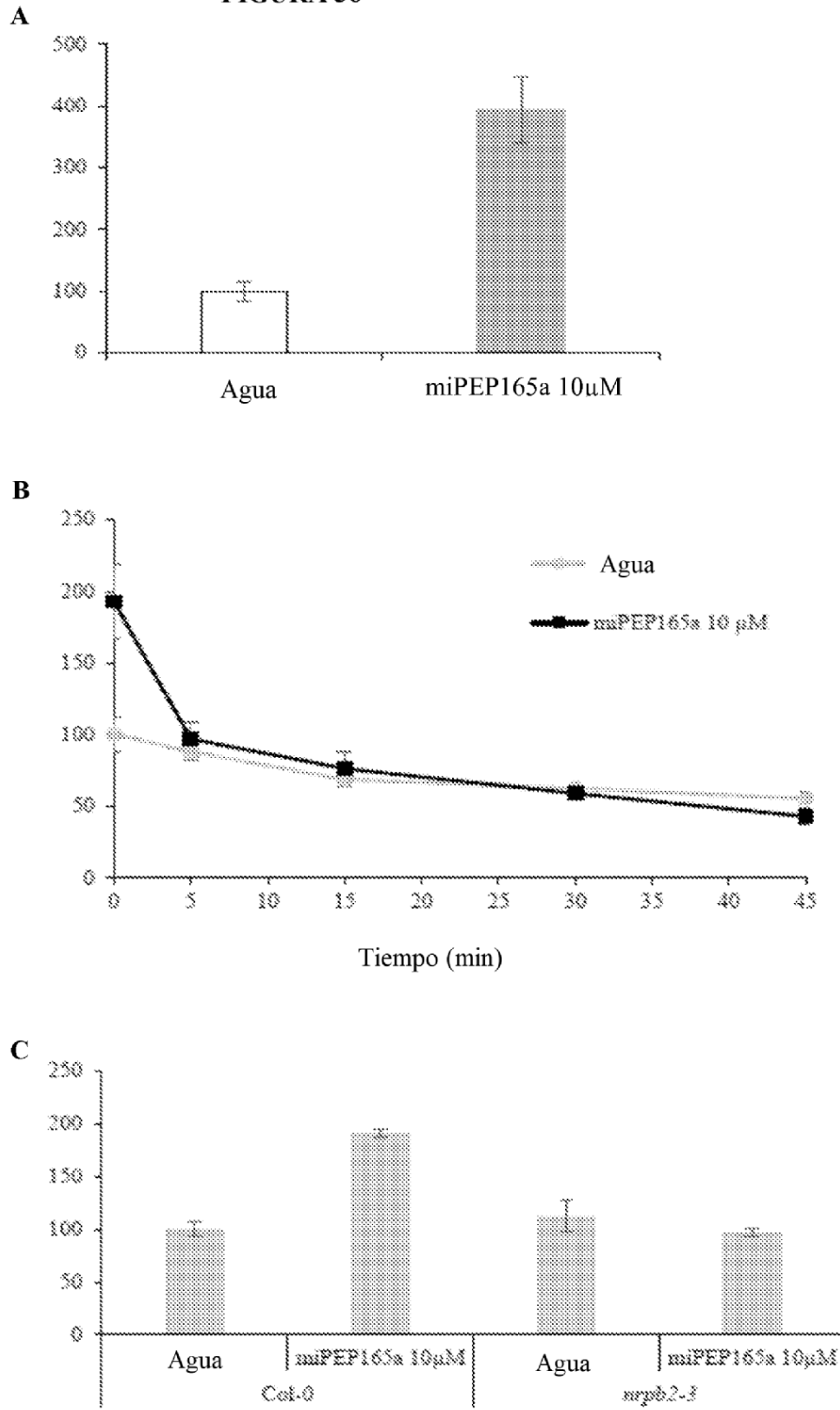


FIGURA 37

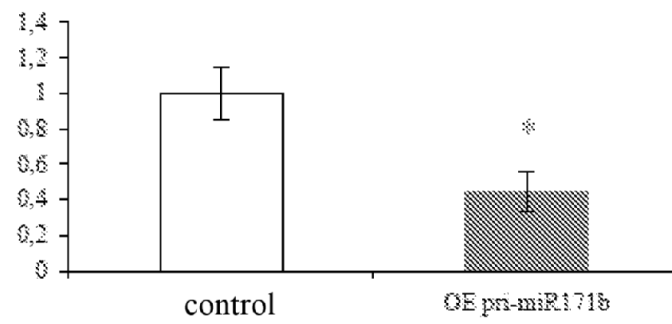


FIGURA 38

