

(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS
ESPAÑA



(11) Número de publicación: **2 913 136**

(51) Int. Cl.:

C12N 15/29 (2006.01)
C12N 15/63 (2006.01)
C12N 15/82 (2006.01)
C12N 5/10 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)
A01H 5/00 (2008.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(86) Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **07.11.2013 PCT/CN2013/086657**

(87) Fecha y número de publicación internacional: **15.05.2014 WO14071849**

(96) Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **07.11.2013 E 13853669 (3)**

(97) Fecha y número de publicación de la concesión europea: **23.03.2022 EP 2918681**

(54) Título: **Gen de fertilidad y usos del mismo**

(30) Prioridad:

09.11.2012 CN 201210445558

(45) Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
31.05.2022

(73) Titular/es:

SHENZHEN INSTITUTE OF MOLECULAR CROP DESIGN (25.0%)
Xinjianxing Industrial Park, Building A6 West 2nd Floor, Fengxin Street, Guangming New District Shenzhen, Guangdong 518107, CN;
HUNAN WANGHUA AGRICULTURAL BIOTECHNOLOGY CO., LTD. (25.0%);
SHENZHEN XINGWANG BIOSEED CO., LTD. (25.0%) y
XINGWANG INVESTMENT CO., LTD. (25.0%)

(72) Inventor/es:

TANG, XIAOYAN;
CHEN, ZHFENG;
XIE, GANG;
WANG, NA;
LU, JIAWEI y
LI, ZAOXIA

(74) Agente/Representante:

ISERN JARA, Jorge

ES 2 913 136 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

Gen de fertilidad y usos del mismo

5 Campo

La presente divulgación se refiere al campo de la biotecnología, en particular a métodos para híbridos de plantas, incluyendo la preparación de una línea estéril y la producción de semillas híbridas, más particularmente a un gen de fertilidad FL2 y su mutante, y a su uso en mejoramiento genético híbrido.

10

Antecedentes

15

El mejoramiento genético híbrido es una forma eficaz de mejorar la producción de los cultivos. En comparación con las plantas convencionales, los híbridos a menudo presentan heterosis y, habitualmente, tienen un rendimiento significativamente aumentado, mejor resistencia y mayor adaptabilidad. Además, el mejoramiento genético híbrido es menos lento y tiene un ciclo de mejoramiento genético más corto que el mejoramiento genético convencional. Por lo tanto, el mejoramiento genético híbrido se ha convertido en un enfoque importante en el mejoramiento genético de muchos cultivos.

20

Una línea estéril masculina eficaz es el factor clave en el mejoramiento genético híbrido. La línea masculina estéril, que no puede producir gametos masculinos eficaces, se utiliza como línea materna a polinizar por una línea paterna. Durante la selección y generación de líneas estériles masculinas deben considerarse los siguientes factores:

25

1. El vigor híbrido con otras líneas: la línea estéril masculina puede cruzarse con otras líneas fértiles masculinas para producir híbridos con una mejor combinación de rasgos;
2. La reproducción de la línea estéril masculina: la línea estéril puede restablecer la fertilidad para automantenerse en determinadas condiciones;
3. La eficacia de la reproducción y la producción de semillas híbridas utilizando la línea estéril masculina: una buena línea estéril debe ser fácil de cruzar y conducir a una producción eficaz de semillas híbridas.

30

La esterilidad masculina puede ser citoplasmática o nuclear. El mejoramiento genético actual del arroz híbrido utiliza la combinación de ambos tipos de esterilidad masculina. La esterilidad masculina citoplasmática (CMS, forma siglada del inglés *cytoplasmic male sterility*) está provocada por mutaciones en genes extranucleares y presenta herencia materna. La manifestación de esterilidad masculina en líneas con CMS puede controlarse mediante la interacción entre factores citoplasmáticos y nucleares.

35

El método de tres líneas extensamente utilizado en el cultivo de arroz híbrido implica una línea estéril masculina, una línea de restablecimiento y una línea de mantenimiento. El método de tres líneas precisa líneas de restablecimiento específicas, que se generan a través de un proceso complejo y limitan en gran medida la utilización de la heterosis entre distintas variedades. Por el contrario, el método de dos líneas utiliza una línea estéril masculina, en que la esterilidad está controlada por un gen nuclear y la fertilidad puede restablecerse

40

en condiciones de cultivo específicas y, por lo tanto, combina la línea de restablecimiento y la línea de mantenimiento en una sola línea. En comparación con el método de tres líneas, el método de dos líneas ha simplificado enormemente el proceso de producción de semillas híbridas al eliminar la demanda de líneas de mantenimiento, y ha expandido significativamente el uso de la esterilidad masculina en el mejoramiento genético híbrido. Sin embargo, también existen limitaciones en la utilización del método de mejoramiento genético híbrido de dos líneas. La línea estéril masculina

45

necesita cambiar la fertilidad entre ACTIVADA (ON en inglés) e INACTIVADA (OFF en inglés) en distintas condiciones. Tiene que permanecer con esterilidad masculina para la producción de semillas híbridas, pero ser fértil para autopropagarse. Las líneas estériles masculinas ampliamente utilizadas en el método de dos líneas son en su mayoría estériles fototermostables (PTGMS, forma siglada de *photo-thermo-sensitive sterile*), y su fertilidad está influenciada por la temperatura y la luz. Por lo tanto, la inestabilidad del entorno puede ocasionar inestabilidad de la fertilidad de las líneas estériles, lo que conduce a mejoramiento genético espontáneo y a la reducción de la pureza de la semilla híbrida, aumentando de este modo el riesgo de producción de semillas. Adicionalmente, la metodología utilizada para la selección y generación de líneas estériles para el método de dos líneas es muy limitada. Por ejemplo, casi no hay líneas estériles masculinas adecuadas para el método de dos líneas en arroz tipo *japonica*, lo que restringe un uso extendido de recursos de variedades de arroz.

55

Para eludir los problemas existentes en los métodos actuales de mejoramiento genético de arroz híbrido, tales como la estabilidad de la línea estéril, la limitación de recursos de variedades híbridas, la complejidad en la producción de semillas y el alto costo de la producción de semillas, etc., una nueva técnica de mejoramiento genético híbrido que puede utilizar enteramente la esterilidad masculina controlada por genes nucleares recesivos para construir líneas

60

estériles estables que no se ven afectadas por los cambios ambientales para eliminar el riesgo potencial de producción de semillas. Por otra parte, el gen de esterilidad nuclear recesivo es adecuado, para la gran mayoría de las variedades de cultivos, para mejorar la utilización de la heterosis. Las realizaciones de la presente divulgación proporcionan un gen que regula la fertilidad vegetal, cuya mutación da como resultado esterilidad masculina, y la esterilidad es estable y no está influenciada por el entorno, y puede revertirse mediante la introducción del gen de tipo silvestre en las plantas. El gen y la línea estéril generada por la mutación del gen proporcionan los componentes necesarios para un nuevo sistema de mejoramiento genético híbrido.

Sumario

- 5 La presente divulgación proporciona un ADN, que tiene una función de regulación de la fertilidad vegetal que conduce a esterilidad masculina en el arroz, y el ADN tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 7.
- El ADN mencionado anteriormente puede codificar una secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8.
- 10 La presente divulgación también proporciona un casete de expresión que comprende el ADN mencionado anteriormente.
- La presente divulgación también proporciona un vector de expresión que comprende el casete mencionado anteriormente.
- 15 La presente divulgación también proporciona una bacteria genomanipulada que comprende el vector de expresión mencionado anteriormente.
- La presente divulgación también proporciona el uso de un gen en la regulación de la fertilidad vegetal para obtener esterilidad de mutantes masculinos en arroz, y el gen que regula la fertilidad vegetal comprende una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 7.
- 20 Además, se divulga un método de referencia para obtener un material estéril masculino a través de la mutación del gen que regula la fertilidad vegetal de la SEQ ID NO: 1, 5, 10, 11, 13, 14, 16, 17, 19, 21, 22 o 27.
- 25 El término "mutación" utilizado en el presente documento comprende la sustitución, delección o adición de uno o más nucleótidos en el ADN del gen que regula la fertilidad vegetal.
- 30 La presente divulgación también proporciona un método para la recuperación de la fertilidad en material estéril masculino de arroz introduciendo el ADN de la SEQ ID NO: 1, 5 o 27 mediante transformación en el material estéril masculino que tiene el ADN mencionado anteriormente.
- Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe el uso de un material mutante obtenido por una mutación de una secuencia de nucleótidos que comprende la SEQ ID NO: 1, 5, 10, 11, 13, 14, 16, 17, 19, 21, 22 o 27.
- 35 La "mutación" mencionada anteriormente puede ser una mutación puntual, delección de ADN, mutación de inserción o silenciamiento génico mediante ARNi o mutagénesis dirigida al sitio.
- 40 Los aspectos de referencia de la presente divulgación describen un método para utilizar el material y las secuencias de ADN mencionadas anteriormente en mejoramiento genético, que comprende, en particular, cruzar una planta estéril masculina como un progenitor femenino a cruzar con una línea de restablecimiento para producir una semilla híbrida.
- 45 Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe un promotor que tiene una característica de expresión específica en la antera, que comprende una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o 9. La presente divulgación también incluye un casete de expresión que comprende el ADN mencionado anteriormente, un vector de expresión que contiene el casete de expresión descrito y/o una bacteria genomanipulada que contiene el vector de expresión descrito.
- 50 Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe un método de expresión de una secuencia polinucleotídica diana en una planta, que comprende:
- 55 introducir una construcción de ADN en la planta, y
 la construcción de ADN comprende:
 un promotor que comprende una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o 9; y
 la secuencia de nucleótidos diana unida operativamente al promotor.
- 60 La expresión de la "secuencia de nucleótidos diana" utilizada en el presente documento puede ser un gen estructural, un gen de regulación, una secuencia antisentido del gen estructural, una secuencia antisentido del gen de regulación o microARN que interfiere con la expresión de un gen endógeno, que se expresa específicamente al final del desarrollo del polen y regula la fertilidad y la germinación del polen.
- 65 Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe el uso de la secuencia de ADN descrita anteriormente o el promotor en uno cualquiera de (a) a (d):
- (a) mejoramiento genético de variedades o cepas vegetales;
 (b) mejoramiento genético de variedades o cepas vegetales para mejorar la fertilidad;

- (c) mejoramiento genético de variedades o cepas vegetales para reducir la fertilidad;
- (d) mejoramiento genético de variedades o cepas vegetales masculina estériles.

5 Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe un método de mantenimiento de una planta masculina estéril en un estado recesivo homocigótico, que comprende:

- (a) proporcionar que la primera planta sea estéril masculina y sea homocigótica para el alelo recesivo del gen FL2;
- (b) generar que la segunda planta sea homocigótica para el alelo recesivo del gen FL2 y sea hemicigótica para una construcción introduciendo en la primera planta la construcción, y comprendiendo la construcción:

10 i) la primera secuencia de nucleótidos que tiene la secuencia de nucleótidos de FL2 para recuperar la fertilidad masculina de la primera planta cuando se expresa en la primera planta;

15 ii) la segunda secuencia de nucleótidos para inhibir la formación o función de un gameto de fertilidad masculina cuando se expresa en la segunda planta, siendo la segunda secuencia de nucleótidos un gen de inactivación de polen ZM-PA; y

- (c) fertilizar la primera planta con el gameto masculino de la segunda planta para mantener una descendencia de la primera planta en un estado homocigótico.

20 Breve descripción de los dibujos

Fig. 1- La morfología de las espiguillas de Huanghuazhan con OsFL2 mutante u OsFL2 de tipo silvestre.

Fig. 2- Representa la morfología de las anteras de Huanghuazhan con OsFL2 mutante u OsFL2 de tipo silvestre.

25 Fig. 3- Representa el análisis de tinción con colorante de polen de Huanghuazhan con OsFL2 mutante u OsFL2 de tipo silvestre.

Fig. 4- Representa la comparación morfológica de órganos femeninos de Huanghuazhan con OsFL2 mutante y OsFL2 de tipo silvestre.

Fig. 5- Representa el estigma expuesto de la planta mutante y una flecha indica el estigma expuesto.

30 Fig. 6- Alineamiento de secuencias relacionadas del ADNc de OsFL2, incluyendo OsFL2 de tipo silvestre de Huanghuazhan, el ADNc de OsFL2 mutante de Huanghuazhan y el ADNc de OsFL2 de tipo silvestre de Nipponbare. *HHZ* representa la secuencia de OsFL2 de tipo silvestre de Huanghuazhan, *Mutante* representa la secuencia de OsFL2 mutante de Huanghuazhan, *Nip* representa la secuencia de OsFL2 de tipo silvestre de Nipponbare.

35 Fig. 7- Alineamiento de secuencias proteicas relacionadas con OsFL2, incluyendo OsFL2 de guanghuazhan de tipo silvestre, OsFL2 mutante de Huanghuazhan y OsFL2 de tipo silvestre de Nipponbare. *HHZ* representa la secuencia proteica de OsFL2 de tipo silvestre de Huanghuazhan, *Mutante* representa la secuencia proteica de OsFL2 mutante de Huanghuazhan, *Nip* representa la secuencia proteica de OsFL2 de tipo silvestre de Nipponbare.

Fig. 8- Análisis del nivel de expresión de OsFL2 en distintos tejidos y órganos de arroz.

Fig. 9- Vector de expresión del promotor del gen OsFL2.

40 Fig. 10- Representa el promotor del gen OsFL2 que activa el gen de GUS para la expresión de forma específica en la antera de arroz.

Fig. 11- Representa el vector de complementación transgénica del mutante estéril masculino de arroz (OsFL2).

Fig. 12- Representa el vector de interferencia por ARN del gen OsFL2.

45 Fig. 13- Representa la expresión del gen OsFL2 en anteras de panojas jóvenes de plantas transgénicas con el vector de interferencia por ARN, y 1-10 representan plantas transgénicas, 11 representa una planta de tipo silvestre.

Fig. 14- Alineamiento de secuencias proteicas codificadas por el gen OsFL2 y sus genes homólogos de cebada, sorgo, mijo, *Brachypodium distachyon* y maíz, respectivamente.

La Fig. 15 representa el vector pZN3.

50 La Fig. 16 muestra granos de polen fértiles y granos de polen estériles después de la tinción con colorante.

La Fig. 17 representa el análisis de la relación de segregación por fluorescencia de semillas recogidas de plantas transgénicas, y la relación de segregación de las semillas es de 1:1.

55 Descripción detallada

A menos que se defina específicamente de otro modo, todos los términos técnicos y científicos utilizados en el presente documento tienen el mismo significado que el que entiende habitualmente un experto en la materia a la que pertenece la presente invención. A menos que se definan de otra manera, las técnicas utilizadas o citadas en la presente divulgación son técnicas convencionales muy conocidas por los expertos en la materia a la que pertenece la presente invención.

Los materiales, métodos y realizaciones descritos en el presente documento son explicativos, y solo ilustrativos, lo que no debe interpretarse como una limitación del alcance de la presente divulgación.

65 La presente divulgación proporciona un gen de fertilidad, una secuencia de nucleótidos, una secuencia proteica del mismo, y el uso del gen de fertilidad en la regulación de la fertilidad masculina vegetal, como se define adicionalmente

- en las reivindicaciones. A modo de ejemplos no limitantes, puede utilizarse cualquier método descrito a continuación junto con la secuencia de nucleótidos correspondiente de la presente divulgación, por ejemplo, puede utilizarse cualquier método seleccionado de los siguientes: introducción de la secuencia mutante del gen de fertilidad en una planta para obtener esterilidad masculina de la planta, mutación de una secuencia endógena de la planta, introducción de una secuencia antisentido del gen de fertilidad en la planta, utilizando una forma de horquilla, ligar la secuencia de nucleótidos correspondiente con otra secuencia de nucleótidos para regular un fenotipo de la planta, o cualquier método para influir en la fertilidad masculina de las plantas conocido por los expertos en la materia.
- 5 El gen de fertilidad FL2 proporcionado en el presente documento es un gen implicado en el desarrollo del polen. El gen de fertilidad FL2 se ubica en el cromosoma 10 del arroz. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 1, 4 o 27 en *Oryza sativa* ssp. *indica*, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID NO: 2. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 5 en *Oryza japonica*, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la ID SEQ ID NO: 6. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 10 u 11 en la cebada, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID NO: 12. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 13 o 14 en el sorgo, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID NO: 15. El gen de fertilidad ZmFL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 13 o 14 en el maíz, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID SEQ ID NO: 15. El gen de fertilidad ZmFL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 16 o 17 en el maíz, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID SEQ ID NO: 18. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 19 en el mijo, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID NO: 20. El gen de fertilidad FL2 tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 21 o 22 en *Brachypodium distachyon*, y la secuencia de aminoácidos correspondiente es la SEQ ID NO: 23.
- 10
- 15
- 20
- 25
- 30
- 35
- 40
- 45
- 50
- 55
- 60
- 65
- Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe las siguientes secuencias: a) una secuencia de ADN con al menos el 90 % (preferentemente al menos el 95 %) de similitud de secuencia del gen FL2 descrito anteriormente y una función homóloga, b) una secuencia de ADN que puede hibridar con la secuencia de ADN de a) en condiciones rigurosas; c) una secuencia de ADN complementaria a una cualquiera de las secuencias de ADN descritas anteriormente en a)-b).
- El gen de fertilidad descrito anteriormente puede aislarse de diversas plantas. Como sabe el experto en la materia, el gen de fertilidad descrito en el presente documento comprende secuencias funcionalmente equivalentes que son altamente homólogas al gen FL2 y regulan la fertilidad del mismo modo. Las secuencias altamente homólogas y funcionalmente equivalentes incluyen secuencias de ADN que pueden hibridar con el gen FL2 de la presente divulgación en condiciones rigurosas. "Una condición rigurosa" utilizada en la presente divulgación es comúnmente conocida por un experto en la materia y puede comprender: hibridación en una solución de hibridación que consiste en NaCl 400 mM, PIPES 40 mM (pH 6,4) y EDTA 1 mM a 60 °C durante 12-16 h, luego se lava con la solución de lavado que consiste en SDS al 0,1 % y SSC 0,13 a 65 °C durante 15-60 min.
- La secuencia funcionalmente equivalente también incluye una secuencia de ADN que regula la fertilidad de la planta en al menos el 90 %, al menos el 95 %, al menos el 96 %, al menos el 97 %, al menos el 98 % o al menos el 99 % de similitud de secuencia del gen FL2 en la presente divulgación, que puede aislarse de cualquier planta. El porcentaje de similitud de secuencia puede obtenerse mediante algoritmos bioinformáticos comúnmente conocidos por un experto en la materia, incluyendo el algoritmo de Myers y Miller (Bioinformatics, 4(1): 11-17, 1988), el método de alineamiento global de Needleman-Wunsch (J.Mol.Biol., 48(3): 443-53, 1970), el método de alineamiento local de Smith-Waterman (J.Mol.Biol., 147: 195-197, 1981), el método de búsqueda de similitud de Pearson y Lipman (PNAS, 85(8): 2444-2448, 1988), el algoritmo de Karlin y Altschul (Altschul *et al*, J.Mol.Biol., 215(3): 403-410, 1990; PNAS, 90: 5873-5877, 1993), que son bien conocidos por los expertos en la materia.
- La secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad de la presente divulgación se aísla del arroz.
- Además, en el presente documento se describe un método para influir en la fertilidad vegetal influyendo en una secuencia de nucleótidos de FL2 o regulando la transcripción y expresión del gen FL2. La expresión "influir en la fertilidad de la planta" significa cambiar la fertilidad de una planta, por ejemplo, obtener esterilidad masculina, regulando la expresión del gen FL2. En particular, dependiendo de las aplicaciones específicas, la expresión del gen FL2 en la planta puede estar influenciada por muchos métodos para regular la fertilidad masculina de la planta. Más particularmente, la expresión del gen FL2 puede manipularse mediante todo tipo de herramientas disponibles para un experto en la materia. Por ejemplo, puede utilizarse mutación, mutagénesis, introducción de un gen antisentido, cosupresión, introducción de una horquilla, y similares, para interferir en la expresión normal del gen FL2, y obtener la planta estéril masculina. En una realización, la presente divulgación también incluye la manera de recuperar la fertilidad masculina en la planta con la expresión alterada de FL2 introduciendo la secuencia de nucleótidos de tipo silvestre de FL2 en la planta.
- Además, en la presente divulgación se proporciona una secuencia de nucleótidos mutante del gen FL2 que conduce a esterilidad masculina. Más particularmente, el material mutante estéril masculino se obtiene mediante un proceso de mutación del gen FL2 endógeno del arroz, o mutación de la secuencia de nucleótidos de un gen altamente homólogo al gen FL2, que conduce a la pérdida de la fertilidad masculina. El término "mutar" incluye, pero sin limitación

a los siguientes métodos, por ejemplo, mutación génica inducida por métodos físicos o químicos. El método químico incluye mutagénesis inducida por un mutágeno tal como EMS, etc. La mutación puede ser mutación puntual, delección de nucleótidos, o inserción de nucleótidos, o silenciamiento génico mediante ARNi, mutagénesis dirigida al sitio, etc.

- 5 En particular, en el presente documento se describe un mutante masculino estéril de arroz, que contiene el gen FL2 mutante. La secuencia de nucleótidos del gen de esterilidad masculina mutante se muestra como la SEQ ID NO: 7 y la secuencia de aminoácidos del mismo es la SEQ ID NO: 8. En comparación con el tipo silvestre, en el mutante masculino estéril, G está mutada en A en el 1688^o nucleótido de la secuencia codificante del gen de esterilidad masculina mutante (Fig. 6), lo que conduce a un cambio de glicina (G) a ácido aspártico (D) en el 563^{er} aminoácido en la correspondiente secuencia proteica codificada. Como sabe un experto en la materia, la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 7 puede construirse en un vector de expresión en plantas para transformar una planta y obtener un nuevo material mutante estéril masculino transgénico.
- 10 En el presente documento se describe además el promotor del gen FL2 con una función de expresión específica en antera, y la secuencia de nucleótidos correspondiente del promotor es una secuencia de nucleótidos de 700 pb a 2500 pb secuencia arriba del ATG del gen FL2. Más particularmente, en arroz, la secuencia de nucleótidos del promotor del gen OsFL es la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9. Las secuencias de nucleótidos mostradas como la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9 se ligaron respectivamente con el gen indicador de GUS y se transformaron plantas. Se analizaron las plantas transgénicas resultantes. Específicamente, las raíces, tallos, hojas y flores se tiñeron para detectar la actividad de GUS. Se descubrió que el gen de GUS impulsado por el promotor del gen OsFL2 se expresa principalmente en anteras de arroz, en particular se expresa de forma elevada específicamente en la fase P7 del desarrollo de la antera. Por lo tanto, el promotor de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9 es un promotor específico para antera.
- 15 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 20 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 25 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 30 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 35 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 40 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 45 El término "promotor" utilizado en el presente documento significa una región de ADN reguladora, que comúnmente incluye la caja TATA que guía a la ARN polimerasa II para iniciar la síntesis de ARN en un sitio de inicio de la transcripción apropiado de una secuencia codificante específica. El promotor también puede incluir otras secuencias de reconocimiento comúnmente ubicadas secuencia arriba de la caja TATA, llamado elemento promotor secuencia arriba, con la función de regular la eficacia transcripcional. Como saben los expertos en la materia, aunque se ha identificado la secuencia de nucleótidos de la región promotora descrita en el presente documento, el aislamiento y la identificación de otro elemento regulador en la región corriente arriba de la caja TATA de una región promotora específica identificada en la presente divulgación también se encuentra dentro del alcance de la presente divulgación. Por lo tanto, el promotor descrito en el presente documento puede definirse adicionalmente en general para incluir los elementos reguladores corriente arriba que regulan los patrones de expresión espacial y temporal de la secuencia codificante. Los elementos promotores expresados en un tejido diana (tal como los órganos reproductores masculinos) pueden identificarse y aislarse de la misma manera, y estos elementos promotores pueden utilizarse junto con un promotor central para examinar la expresión preferencial en tejidos específicos masculinos. Promotor central significa una secuencia mínima para el inicio de la transcripción, por ejemplo, una secuencia conocida como la caja TATA, que comúnmente existe en el promotor del gen que codifica una proteína. Por lo tanto, de manera alternativa, el promotor corriente arriba del gen FL2 puede utilizarse en asociación con el promotor central del gen FL2 o con promotores centrales de otras fuentes.
- 50 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 55 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.
- 60 En el presente documento se describe el promotor específico para antera descrito en el presente documento incluye la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, una secuencia de nucleótidos con al menos el 90 % de similitud de secuencia con la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, o un fragmento de nucleótidos secuencial de al menos 100 pb de la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, que puede activar la expresión de secuencias de nucleótidos unidas operativamente al promotor en la antera de la planta. Un vector de expresión, un casete de expresión, una bacteria hospedadora, etcétera, que contengan la secuencia de nucleótidos descrita anteriormente también se encuentran dentro del alcance de protección de la presente divulgación. Además, se describe un par de cebadores para amplificar una cualquiera de las secuencias de nucleótidos del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9.

65 El promotor central puede ser uno de los promotores centrales conocidos, tales como el promotor 35S o 19S del virus del mosaico de la coliflor (patente de EE.UU., N.º 5.352.605), el promotor de Ubiquitina (patente de EE.UU. N.º 5.510.474), el promotor central de IN2 (patente de EE. UU. N.º 5.364.780) o el promotor del virus del mosaico de la escrofularia.

- La función del promotor del gen puede analizarse mediante los siguientes métodos: la secuencia de nucleótidos del promotor se une operativamente al gen indicador para formar una construcción transformable, luego la construcción se transforma en plantas para obtener una progenie transgénica, y se examina la expresión del gen indicador en la progenie transgénica para determinar el patrón de expresión del promotor. De manera alternativa, la secuencia del promotor unida a un gen informador se subclona en un vector de expresión y la función del promotor u otras regiones reguladoras del mismo se detecta a través del experimento de expresión transitoria.
- 5 La selección de vectores de expresión adecuados para probar la función del promotor o regiones reguladoras del mismo depende del hospedador y del método de introducción del vector de expresión en el hospedador, y el método es bien conocido por los expertos en la materia. Para un gen eucariótico, la secuencia que debe subclonarse en el vector de expresión comprende una región que controla el inicio y la regulación de la transcripción. Estas regiones están unidas operativamente a un gen indicador que incluye GFP, UidA, el gen de GUS o la luciferasa. El vector de expresión con una supuesta región reguladora ubicada en el genoma puede transformarse en un órgano entero, tal como polen en fases específicas, o en callos, para examinar sus funciones.
- 10 15 Adicionalmente, el promotor descrito en el presente documento puede unirse a secuencias de nucleótidos heterogéneas distintas del gen FL2 para impulsar su expresión. La secuencia de nucleótidos del promotor descrito en el presente documento y fragmento y variante de la misma, y la secuencia de nucleótidos heterogénea pueden ensamblarse en un casete de expresión para la expresión en plantas diana, más particularmente en los órganos masculinos de la planta. El casete de expresión tiene un sitio de restricción apropiado para insertar el promotor y la secuencia de nucleótidos heterogénea. Los cassetes de expresión pueden utilizarse para manipular genéticamente cualquier planta para obtener el fenotipo correspondiente deseado.
- 20 25 30 El promotor del gen FL2 descrito en el presente documento, más particularmente el promotor del gen FL2 de arroz, puede utilizarse para activar la expresión de varias secuencias de nucleótidos heterogéneas para hacer que la planta transformada sea masculina estéril. Específicamente, la secuencia de nucleótidos heterogénea puede codificar enzimas que aceleran la degradación de carbohidratos, una enzima de modificación de carbohidratos, una amilasa, una enzima desramificadora, o pectinasa, tal como el gen de la amilasa α, una auxina, rot B, un gen de citotoxina, la toxina diftérica, una DAM metilasa, avidina, o secuencias de nucleótidos heterogéneas seleccionadas de un sistema de control de regulación procariota. La secuencia de nucleótidos heterogénea también puede ser un gen de esterilidad masculina dominante.
- 35 El ácido nucleico unido operativamente secuencia abajo del promotor en la presente divulgación puede estar unido operativamente a un gen estructural, un gen regulador, una secuencia antisentido del gen estructural, una secuencia antisentido del gen de regulación, o microARN que interfiere con la expresión de un gen endógeno particular.
- 40 De manera más explícita, el gen de la SEQ ID NO: 1 y SEQ ID NO: 5 que regula la fertilidad de la planta descrito en el presente documento puede construirse corriente abajo del promotor de la SEQ ID NO: 3 y SEQ ID NO: 9 para impulsar la expresión específica del gen en la antera, o puede utilizarse para construir un vector de ARN dirigido al gen de la SEQ ID NO: 1 impulsado por el promotor de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9, para silenciar la expresión del gen FL2 y obtener el mutante estéril masculino del gen de la SEQ ID NO: 1.
- 45 50 La secuencia de nucleótidos del promotor descrita en el presente documento puede aislarla de cualquier planta, incluyen, pero sin limitación, *Brassica*, maíz, trigo, sorgo, *Crambe linn.*, *Sinapis alba*, semilla de ricino, sésamo, semilla de algodón, linaza, soja, *Arabidopsis*, *Phaseolus*, cacahuate, alfalfa, avena, colza, cebada, avena, centeno, mijo, durra, triticale, escaña, espelta, trigo farro, lino, grama, *Tripsacum*, *Euchlaena mexicana*, *Festuca ovina*, pasto de trigo perenne, caña de azúcar, *Vaccinium oxycoccus*, papaya, plátano, cártamo, palma aceitera, melón, manzana, pepino, dendrobio, gladiolo, crisantemo, *Liliaceae*, algodón, eucalipto, girasol, *Brassica rapa*, remolacha, café, planta ornamental, conífera, etcétera. La planta puede incluir maíz, soja, cártamo, mostaza de hoja, trigo, mostaza de hoja, cebada, centeno, arroz, algodón y sorgo.
- 55 60 La presente divulgación también proporciona una construcción que comprende el gen FL2 y/o el promotor del gen FL2, que incluye un denominado vector o casete de expresión. El promotor de la construcción que impulsa la secuencia de nucleótidos unida para que se exprese en la planta puede ser un promotor natural o un promotor sustituido. El promotor de la construcción puede ser un promotor inducible. La secuencia de nucleótidos del gen FL2 puede estar unida a un promotor específico para antera, preferentemente, que pueda impulsar la secuencia de nucleótidos del gen FL2 para expresarse completamente en el desarrollo temprano de la antera, por ejemplo específicamente en P7 del desarrollo de la antera. En particular, los tipos de promotores útiles incluyen un promotor vírico constitutivo, tal como el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor 19s del virus del mosaico de la coliflor (CaMV), el promotor 35S del virus del mosaico de la escrofularia y el promotor de la ubiquitina.
- 65 Para potenciar la transcripción y/o la expresión dirigida a un tejido vegetal específico puede utilizarse un promotor específico para un tejido. El promotor puede expresarse tanto en el tejido diana como en otros tejidos vegetales, o expresarse principalmente en el tejido diana, o expresarse menos en el tejido diana que en los otros tejidos vegetales, o expresarse muy preferentemente en el tejido diana. En una realización, el promotor tiene preferencia por expresarse en particular en tejidos masculinos de la planta o tejidos femeninos de la planta. Para el método de la presente

divulgación, el promotor puede no estar limitado a ningún promotor específico con preferencia por tejido masculino, y pueden utilizarse muchos promotores de este tipo conocidos por los expertos en la materia.

- 5 El promotor FL2 natural descrito en el presente documento es un ejemplo de los promotores útiles. Otro tipo de tales promotores comprende el promotor 5126, el promotor de MS45, el promotor de MS26, el promotor BS92-7, el elemento regulador SGB6 y promotor TA29, etcétera, que impulsan al gen vinculado a expresarse en tejidos masculinos vegetales. La construcción también comprende el promotor con especificidad de expresión en gametos. Los promotores con especificidad de expresión en tejido de gametos incluyen el promotor PG47 y el promotor ZM13.
- 10 La construcción descrita anteriormente también puede comprender otros componentes, dependiendo del fin y el uso de la construcción de vector. Por ejemplo, la construcción puede comprender además un gen marcador de selección, una secuencia de direccionamiento o reguladora, una secuencia de estabilización, una secuencia de guía, o un intrón. El casete de expresión incluye una secuencia de nucleótidos heterogénea diana con un terminador de la transcripción y un terminador de la traducción en el extremo 3' de la misma que funcionan en una planta. El terminador puede ser el terminador del gen de la presente divulgación o un terminador exógeno. Más particularmente, el terminador mencionado anteriormente puede ser una región de terminación de nopalina sintasa u octopina sintasa.

Si se desea dirigir el producto de expresión de la secuencia heterogénea de nucleótidos a un orgánulo específico, tal como plástidos, amiloplastos, el retículo endoplásmico, o a la superficie celular o a secreción extracelular, el casete de expresión también puede comprender una secuencia de nucleótidos que codifique un péptido de tránsito. El péptido de tránsito es conocido por el experto en la materia y puede ser, pero sin limitación, un péptido de tránsito de la subunidad pequeña de la Rubisco, de una EPSP sintasa vegetal, de cloroplastos de Brittle-1 etc.

25 En el proceso de preparación del casete de expresión, pueden manipularse múltiples fragmentos de ADN para proporcionar una secuencia de ADN en una dirección apropiada o en un marco de lectura correcto. Para alcanzar este objetivo, los fragmentos de ADN pueden unirse entre sí a través de un adaptador o un enlazador, u otros sitios múltiple de clonación convenientes a través de otras operaciones, etc.

30 Además, la construcción proporcionada en la presente divulgación también incluye un gen marcador de selección para seleccionar células transformadas o tejidos transformados. El gen marcador de selección incluye un gen de resistencia a antibióticos o un gen de resistencia a herbicidas. El gen marcador de selección adecuado incluye, pero sin limitación, un gen de resistencia al cloranfenicol, un gen de resistencia a la higromicina, un gen de resistencia a la estreptomicina, un gen de resistencia a la miramicina, un gen de resistencia a las sulfonamidas, un gen de resistencia al glifosato, un gen de resistencia a la fosfotricina. El gen marcador de selección puede ser también un gen de la proteína fluorescente roja, un gen de la proteína fluorescente cian, un gen de la proteína fluorescente amarilla, un gen de la luciferasa, un gen de la proteína fluorescente verde y un gen biosintético de antocianina, etc.

35 El casete de expresión o el vector proporcionado en la presente divulgación puede insertarse en un plásmido, un cósmido, un cromosoma artificial de levadura, un cromosoma artificial bacteriano o cualquier otro vector adecuado para su transformación en una célula hospedadora. Preferentemente, la célula hospedadora es una célula bacteriana, especialmente la célula utilizada para clonar polinucleótidos, mantener un polinucleótido, o transformar una célula vegetal, tal como *Escherichia coli*, *Agrobacterium tumefaciens* y *bacterias del suelo de pelos radiculares*. En el caso de que la célula hospedadora sea una célula vegetal, el casete de expresión o el vector pueden insertarse en el genoma de la célula vegetal transformada, y la inserción puede ser específica del sitio o aleatoria. Preferentemente, la inserción puede realizarse a través de recombinación homóloga. Además, el casete de expresión o el vector pueden no estar asociados a cromosoma alguno. El casete de expresión o el vector de la presente divulgación puede estar en el núcleo, cloroplasto, mitocondrias y/o plástidos de una célula vegetal. Preferentemente, el casete de expresión o el vector pueden insertarse en el ADN cromosómico en el núcleo de la célula vegetal.

40 50 La presente divulgación también comprende el uso del gen FL2 divulgado en la presente divulgación y el promotor del mismo. En algunas realizaciones de aplicaciones, el gen FL2 o el promotor del mismo puede utilizarse para propagar y mantener la línea masculina estéril obtenida mediante la mutación del gen FL2 u otros genes relacionados con la fertilidad.

55 60 65 En detalle, la propagación y el mantenimiento de la línea estéril masculina mencionada anteriormente implica el uso de un mutante estéril masculino con un gen nuclear recesivo homocigótico como aceptor transgénico y la transformación de tres genes diana estrechamente unidos en el mutante estéril masculino. Los tres genes estrechamente unidos comprenden un gen de restablecimiento de la fertilidad, un gen de inactivación del polen y un gen de cribado de marcador de color/fluorescencia. El gen de restablecimiento de la fertilidad puede recuperar la fertilidad del aceptor transgénico estéril. El gen de inactivación del polen puede inactivar cualquier polen que contenga el gen exógeno transformado. Y el gen de cribado de marcador de color/fluorescencia puede utilizarse para clasificar las semillas transgénicas de las semillas no transgénicas, y las semillas no transgénicas clasificadas pueden utilizarse como una línea estéril para producir semillas híbridas, mientras que las semillas transgénicas clasificadas pueden utilizarse como una línea de mantenimiento para producir una línea estéril de forma continua y estable.

De manera más explícita, de acuerdo con una realización de la presente divulgación, el mutante *f12/f12* recesivo estéril

- nuclear de arroz puede utilizarse como receptor, y 3 genes estrechamente unidos se transforman en la línea estéril, en donde un gen de restablecimiento de la fertilidad OsFL2 puede recuperar la fertilidad del aceptor transformado, un gen de inactivación del polen Zm-PA puede inactivar el polen, y se utiliza un gen RFP(r) de cribado por fluorescencia (clasificación por color) para clasificar las semillas transgénicas a partir de las semillas no transgénicas, y las semillas no transgénicas clasificadas pueden utilizarse como una línea estéril para producir semillas híbridas, y las semillas transgénicas seleccionadas pueden utilizarse como una línea de mantenimiento para producir una línea estéril de forma continua y estable. Esta tecnología produce un producto no transgénico y evita el problema de la demora en el proceso de preparación de semillas híbridas de arroz que reduce la utilización de recursos en el método de tres líneas y una fertilidad inestable de la línea estéril en el método de dos líneas.
- Puede utilizarse un promotor específico para antera descrito en el presente documento para impulsar la expresión específica de un gen exógeno en la antera, para evitar la expresión continua del gen exógeno en otros tejidos de la planta y cualquier efecto adverso causado por ello. El promotor específico para antera también puede utilizarse en el análisis funcional y la identificación de genes relacionados con el desarrollo del polen de la planta, el establecimiento de la línea estéril masculina y la línea de restablecimiento, y un experimento de aborto de polen, y se puede evitar el problema de bioseguridad provocado por el flujo de transgenes de la planta o el escape de polen, lo cual es importante para establecer la línea masculina estéril y la línea de restablecimiento.

Además, se describe un método de producción de una planta, que comprende:

- (1) la construcción de un casete de expresión proporcionado en el presente documento,
 (2) la introducción del casete de expresión resultante de la etapa (1) en células vegetales,
 (3) la regeneración de plantas transgénicas a partir de células vegetales transformadas, y
 (4) el cribado de las plantas transgénicas, y
 (5) opcionalmente, la propagación de la planta de la etapa (4) para obtener descendencias.

La planta transgénica descrita en el presente documento se prepara mediante métodos de transformación conocidos por los expertos en la materia de biotecnología vegetal. Para transformar un vector de expresión recombinante en la célula vegetal para generar la planta transgénica de la presente divulgación puede utilizarse cualquier método. Los métodos de transformación incluyen un método de transformación directa y un método de transformación indirecta. El método de transformación directa apropiado incluye la captación de ADN inducida por polietilenglicol, la transformación mediada por liposomas, la introducción por cañón de partículas, la electroporación y la microinyección, etcétera. En algunas realizaciones de la presente divulgación, la presente divulgación utiliza técnicas de transformación basadas en agrobacterias (en referencia a Horsch RB *et al* (1985) Science 225: 1229; White FF, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants, Transgenic plants, Volumen 1, Engineering and Utilization, Academic Press, 1993, pág. 15-38; Jenes B *et al*. Techniques for Gene Transfer, Transgenic plants, Volumen 1, Engineering and Utilization, Academic Press, 1993, pág. 128-143, etc.). Las cepas de *Agrobacterium* (tales como *Agrobacterium tumefaciens* o *Agrobacterium rhizogenes*) contienen un plásmido (plásmido Ti o plásmido Ri) con un elemento ADN-T. El plásmido con el ADN-T se transfiere a la planta después de la transfección con *Agrobacterium*, integrándose finalmente el ADN-T en el genoma de la célula vegetal. El ADN-T se encuentra en el plásmido Ri o en el plásmido Ti, o está contenido en un vector binario. En los ejemplos se describe un método de transformación mediado por *Agrobacterium*. El método de transformación mediado por *Agrobacterium* es el más adecuado para las dicotiledóneas, pero también es apto para monocotiledóneas. La manera de transformar *Agrobacterium* en plantas se describe en los ejemplos. La transformación puede conducir tanto a una transformación y expresión transitorias como a una transformación y expresión estables. Aunque la secuencia de nucleótidos de la presente divulgación puede insertarse en diversas plantas y en diversos tipos de células vegetales, es especialmente adecuada para células de cultivos.

En comparación con la técnica anterior, la presente divulgación tiene las siguientes beneficios: en la presente divulgación se proporcionan un gen de desarrollo de la antera de arroz y la línea estéril masculina generada por la mutación del gen de desarrollo de la antera de arroz. La esterilidad masculina no está influenciada por el medio ambiente y puede recuperarse mediante un transgén de tipo silvestre. El gen de desarrollo de la antera de arroz y la línea estéril masculina generada por la mutación del gen de desarrollo del polen de arroz proporcionan los componentes necesarios para construir el sistema de mejoramiento genético híbrido de tercera generación. La línea estéril masculina generada por la mutación del gen de desarrollo del polen de arroz puede utilizarse para producir semillas híbridas y es vital para mejorar los métodos existentes de tres y dos líneas.

Ejemplos

La invención se describe ahora con referencia a los siguientes Ejemplos. Los Ejemplos se proporcionan con fines ilustrativos.

Ejemplo 1: Cribado de un mutante estéril masculino de arroz (*Osf1/2*)

Se mutagenizaron semillas de la variedad de arroz (*Oriza sativa* L. spp. Indica) Huanghuazhan (M0) mediante EMS (al 0,7 %) durante 12 horas para obtener la población mutagenizada (M1). Las semillas generadas por las plantas mutagenizadas a partir de las semillas M1 se recogieron y mezclaron para obtener una biblioteca de mutantes (M2).

Las plantas a partir de la semilla de la generación M2 se criaron para obtener plantas estériles masculinas en la fase de maduración de la semilla. La planta estéril se reprodujo cortando rastrojos de arroz, y se analizó el desarrollo del polen en la planta reproducida mediante tinción con 12-KI en el período reproductivo. Un mutante estéril masculino no mostró polen y se lo llamó *Osf1/2*.

- 5 Ejemplo 2: Análisis genético del mutante estéril masculino de arroz (*Osf1/2*)
- La planta estéril del mutante de *Osf1/2* se cruzó con Huanghuazhan de tipo silvestre, y las 80 plantas de la generación F1 fueron todas fértiles. Las plantas de generación F1 se autofertilizaron para obtener 300 plantas F2, de las cuales 10 78 plantas no manifestaron esterilidad del polen y 222 plantas mostraron fertilidad completa. La relación de segregación entre las plantas estériles y las plantas fértiles es muy cercana a 1:3, lo que reveló que el fenotipo estaba controlado por un gen nuclear recesivo.

- 15 Ejemplo 3: Análisis de estabilidad del mutante estéril masculino de arroz (*Osf1/2*)
- Para confirmar si la esterilidad del mutante de *osf1/2* estaba influenciada por condiciones ambientales tales como la luz o la temperatura, etc., las plantas de la generación F2 obtenidas al cruzar la planta estéril con Huanghuazhan de tipo silvestre se cultivaron en Shenzhen, Sanya, Hunan, Pekín, para seguir observando la esterilidad y la relación de segregación. En todas las áreas, la relación de segregación entre las plantas estériles y las plantas fértiles es de 1:3 (Fig. 1, y las plantas reproducidas a partir del restojo de arroz estéril todavía manifestaron esterilidad, por tanto, la esterilidad del mutante no estuvo influenciada por factores ambientales.

Tabla 1: La relación de segregación en la planta de generación F2 obtenida por autofecundación de las plantas F1 (la descendencia de los mutantes de *Osf1/2* y el tipo silvestre Huanghuazhan)

	Número de plantas fértiles	Número de plantas estériles	χ^2 (3:1)
Shenzhen	88	31	0,034
Sanya	104	29	0,150
Hunan	65	21	0,000
Pekín	61	19	0,033

- 25 Ejemplo 4 Análisis fenotípico del órgano reproductor del mutante estéril masculino de arroz (*osf1/2*)

En comparación con la planta de tipo silvestre, la planta mutante creció y se desarrolló normalmente, floreciendo en la misma fase. El tamaño, la morfología, el tamaño de apertura y el tiempo de apertura de la gluma de la planta mutante no fueron distintos de la planta de tipo silvestre (Fig. 1). Sin embargo, la antera de la planta mutante era blanca, fina, pequeña e indehiscentes (Fig. 2), sin polen. Se realizó una tinción adicional con 12-KI para detectar si había polen en la planta mutante, y mostró que el polen de tipo silvestre se teñía normalmente mientras que la planta mutante no tenía polen (véase la Fig. 3). Los órganos femeninos de la planta mutante (incluyendo el ovario, el estilo y el estigma) eran ligeramente más grandes que sus equivalentes de la planta de tipo silvestre (Fig. 4). La tasa de exposición del estigma de la planta mutante fue de al menos el 89 % (Fig. 5), mientras que los estígmata de Huanghuazhan de tipo silvestre rara vez están expuestos. Las plantas mutantes estériles se mezclaron con la planta fértil y se sembraron en condiciones naturales, de modo que la planta mutante estéril pudiera ser polinizada de forma cruzada por la planta fértil para recuperar la capacidad de fructificación. El análisis estadístico de 100 plantas mutantes mostró que, de esta manera, la tasa de formación de semillas aumentó al menos en un 40 %. Por el contrario, en una condición artificial, la planta mutante estéril puede polinizarse de forma cruzada a partir de la planta fértil, y la tasa de formación de semillas aumentó al 70 %-80 %. Además, la semilla de la planta mutante se desarrolló normalmente, sin ningún defecto.

- 45 Ejemplo 5: Clonación de genes del mutante estéril masculino de arroz

La clonación de genes mutantes se basó en el método Mutmap, que implica la construcción de progenies F2 cruzando el mutante con el parental de tipo silvestre y el mapeo del gen mediante resecuenciación. La planta estéril se cruzó con Huanghuazhan de tipo silvestre, luego se seleccionaron 30 plantas estériles de la generación F2 para la extracción de ADN genómico, y el ADN genómico se mezcló por igual para la secuenciación del genoma de alto rendimiento para obtener datos de secuencia de 20 Gb que suman 50 X el genoma del arroz. El gen mutante puede ser el alelo Os10g38050 ubicado en el 10º cromosoma, en comparación con la secuencia genómica de Huanghuazhan de tipo silvestre. La secuencia codificante de longitud completa del gen de Huanghuazhan de tipo silvestre es de 1767 pb, y la secuencia de nucleótidos del gen se mostró como la SEQ ID NO: 1. La proteína codificada por la SEQ ID NO: 1 contiene 588 aminoácidos y la secuencia de aminoácidos se mostró como la SEQ ID NO: 2. En el mutante estéril, G estaba mutada a A en el 1688º nucleótido de la secuencia codificante del gen (Fig. 6), y como resultado, la glicina (G) cambió a ácido aspártico (D) en el 563er aminoácido de la correspondiente secuencia proteica codificada por el gen (Fig. 7). Se realizó el análisis HRM (forma siglada de *High Resolution Melt*, alta resolución de la temperatura de fusión) más reciente de la herramienta de investigación SNP (forma siglada de *Single Nucleotide Polymorphism*, polimorfismo de nucleótido único) para confirmar aún más que todas las plantas sin polen portaban la mutación homocigótica mientras que la planta fértil portaba un sitio de tipo silvestre homocigótico o un sitio heterocigótico. La descendencia procedente de la autopolinización de la planta homocigótica de tipo silvestre fue fértil, y la descendencia procedente

de la autopolinización de la planta heterocigótica muestra una relación de segregación de 1:3 entre la descendencia estéril y la descendencia fértil. La secuencia codificante del ADNc del gen contiene varios polimorfismos de secuencia entre el arroz Nipponbare de *japonica* y el Huanghuazhan de tipo silvestre (Fig. 6). En comparación con OsFL2 de Huanghuazhan, OsFL2 de Nipponbare contiene una delección de nucleótidos de 6 pb, del 59° al 64° de la secuencia codificante, una sustitución de nucleótido G a T en la posición 451 y una sustitución de nucleótido G a A en la posición 1371 de la secuencia codificante. Como resultado, se detectaron dos polimorfismos de proteínas, una delección que contiene los aminoácidos 20° y 21° de la secuencia proteica, y una sustitución de Alanina (A) a Serina (S) en la posición 151 de la proteína (Fig. 7). La secuencia de nucleótidos del gen de Nipponbare se mostró como la SEQ ID NO: 5, y la secuencia de aminoácidos codificante del mismo fue la SEQ ID NO: 6. Un análisis adicional demostró que el gen no muestra ningún polimorfismo entre la variedad de arroz *indica* 9311 y Huanghuazhan de tipo silvestre.

Ejemplo 6: Análisis del patrón de expresión del gen OsFL2 en distintos órganos del arroz

Se diseñó una pareja de cebadores basados en la secuencia de ADNc de OsFL2, con el cebador directo F1 5' GCCTCACCGTCCTCCTACTAC 3' (SEQ ID NO: 33) y el cebador inverso R1 5' CGGGTCCGAGAACACCAC 3' (SEQ ID NO: 34). Por otra parte, se diseñaron cebadores para controles internos para un gen de actina de arroz, con un cebador directo 5' GCTATGTACGTCGCCATCCA 3' (SEQ ID NO: 35) y un cebador inverso 5' GGACAGTGTGGCTGACACCAT 3' (SEQ ID NO: 36). Se extrajo el ARN total de arroz Huanghuazhan y se utilizó como molde para la síntesis del 1^a cadena del ADNc. Se utilizó PCR cuantitativa en tiempo real para analizar el perfil de expresión del gen OsFL2 en la raíz, tallo, hoja, lema, palea, gluma, pistilo y antera joven en la fase de diferenciación del primordio (fase 6), antera joven en la fase meiótica de las células madre del polen temprano (fase 7), fase de formación de tétradas (fase 8), fase de microsporas tempranas (fase 9), fase de microsporas intermedias y tardías (fase 10), fase de maduración del polen (fase 12), y el resultado, como se representa en la Fig. 8, demostró que el gen OsFL2 tenía una expresión alta y específica en la antera joven en la fase de meiosis de la células madres del polen (fase 7). La expresión del gen OsFL2 comenzó a disminuir en la fase de formación de tétradas (fase 8), mientras que la expresión del gen OsFL2 fue muy baja en la raíz, tallo, hoja, semilla y otra fase de desarrollo de la antera.

Ejemplo 7: Construcción del vector de expresión del gen OsFL2 y análisis funcional del promotor del gen

Se construyó el vector de expresión del gen OsFL2 (Fig. 9) para el análisis funcional del promotor del gen. En primer lugar, se utilizaron el cebador OsFL2-Pro-F (ggatccGGATTCGAGGATCAAGCT, SEQ ID NO: 37) y el cebador OsFL2-Pro-R (gtcgacTTTCGCCGGCAAATTCGC, SEQ ID NO: 38) para amplificar la región promotora de 2520 pb secuencia arriba del gen OsFL2 (SEQ ID NO: 3) procedente del ADN genómico de Huanghuazhan de tipo silvestre. El producto amplificado se digirió mediante Sall y BamHI y se ligó en un vector de detección de promotores para obtener el vector (plásmido) pOsFL2-pro. El vector pOsFL2-pro obtenido se transformó en callos de arroz de tipo silvestre mediante el método de transformación mediada por *Agrobacterium*, y se seleccionaron y regeneraron 12 plantas de arroz transgénicas. El patrón de expresión del promotor de OsFL2 se analizó detectando la actividad de β-galactosidasa. La tinción de GUS en la raíz, tallo, hoja y flor de las plantas transgénicas demostró que el gen de GUS impulsado por el promotor del gen OsFL2 se expresaba principalmente en la antera del arroz (mostrado en la Fig. 10). Además, el análisis funcional del promotor mostrado como la SEQ ID NO: 9 unido a GUS demostró que el resultado de la tinción de la SEQ ID NO: 9 era concordante con el resultado de la tinción de la SEQ ID NO: 3, y ambos eran promotores específicos para la antera.

Ejemplo 8: Pruebas de complementación del mutante estéril masculino (*osfl2*) de arroz

Para confirmar que la mutación de OsFL2 era responsable del fenotipo estéril masculino en el mutante, se construyó un vector de complementación que contenía el gen OsFL2 de tipo silvestre de longitud completa y se transformó en plantas para complementar el fenotipo *Osfl2*. Específicamente, se amplificó el fragmento genómico de longitud completa desde 2500 pb secuencia arriba del codón de iniciación ATG de OsFL2 hasta aproximadamente 497 pb secuencia abajo del codón de terminación TGA de OsFL2 (SEQ ID NO: 4) utilizando el cebador OsFL2-Res-F (gtttaaacGGATTCGAGGATCAAGCT, SEQ ID NO: 39) y el cebador OsFL2-Res-R (ggatccACCCTGCATTTTATGCC, SEQ ID NO: 40). El fragmento se digirió mediante Pmel y BamHI y se ligó en un vector de complementación para obtener el vector (plásmido) pOsFL2-Res. El vector pOsFL2-Res obtenido se transformó en callos inducidos a partir de semillas de mutante de *osfl2* de Huanghuazhan mediante el método de transformación mediado por *Agrobacterium*, y se seleccionaron y regeneraron las plantas transgénicas. Se obtuvieron 8 plantas transgénicas positivas y todas ellas mostraron una fertilidad restablecida. Este análisis demostró además que el gen OsFL2 estaba implicado en la regulación del desarrollo del polen y que la mutación en el gen OsFL2 conducía al fenotipo sin polen.

Ejemplo 9: Adquisición y análisis fenotípico de la línea de ARNi del gen OsFL2

Para confirmar adicionalmente que la expresión alterada del gen OsFL2 da como resultado esterilidad masculina, se construyó una línea de ARNi para genosuprimir específicamente OsFL2. Específicamente, se amplificó un fragmento de ADNc de OsFL2 de 474 pb utilizando el cebador OsFL2-Flag-F (GCGTCGCCGACACCC, SEQ ID NO: 41) y el cebador OsFL2-Flag-R (TGGAGAAGGCCCGAC, SEQ ID NO: 42). El producto amplificado se amplificó adicionalmente con dos parejas de cebadores de amplificación para obtener un fragmento 1 directo del gen OsFL2

con un sitio KpnI y un fragmento 2 inverso del gen OsFL2 con un sitio BamHI. Los dos fragmentos se dirigieron, ligaron e incorporaron en un vector pRNAi para obtener pOsFL2-pRNAi. El pOsFL2-pRNAi obtenido se transformó en callo de *nipponbare* mediante el método de transformación mediado por *Agrobacterium*, y se seleccionaron y regeneraron 10 plantas transgénicas, y la fertilidad masculina en 7 de las plantas transgénicas estaba significativamente reducida.

5 Se llevó a cabo una PCR cuantitativa en tiempo real utilizando la pareja de cebadores del Ejemplo 6 basada en OsFL2 y ADNr de Actina para analizar el nivel de expresión del gen OsFL2 en antera joven en la fase de meiosis de células madre de polen y la fase de formación de tétradas (P7) de las plantas de ARNi, y el resultado demostró que el nivel de expresión de ARN del gen OsFL2 de las plantas estériles transgénicas se redujo significativamente (Fig. 13). Este análisis demostró además que el gen OsFL2 estaba implicado en la regulación del desarrollo del polen y que la 10 mutación del gen OsFL2 conducía a un fenotipo sin polen.

Ejemplo 10: Análisis de polinización cruzada de la planta mutante de OsFL2 con la línea de restablecimiento

15 La planta mutante de *OsFL2* de Huanghuazhan puede polinizarse de forma cruzada por varias líneas de restablecimiento de uso frecuente para la producción de semillas híbridas. Las semillas híbridas de algunas combinaciones muestran una heterosis evidente, lo que demuestra que el mutante de Huanghuazhan es valioso en el mejoramiento genético híbrido y puede utilizarse como material candidato para la línea estéril. La planta mutante de OsFL2 de Huanghuazhan se cruzó con varias líneas de restablecimiento, y los estigmas de la planta estéril de la generación F2 todavía estaban muy expuestos (la tasa de exposición del estigma fue de hasta el 60-88 %) lo que 20 demostró una herencia de ligamiento existente en el gen mutante y un riesgo de exposición de estigmas. La alta exposición del estigma fue beneficiosa para la polinización cruzada y una eficacia mejorada de la producción de semillas híbridas.

Ejemplo 11 Alineamiento de la proteína OsFL2 con los homólogos proteicos predichos de cebada, sorgo y maíz

25 En la base de datos del NCBI, utilizando blast para proteínas, se utilizó la secuencia completa de la proteína OsFL2 de arroz como consulta para buscar en la base de datos de proteínas sus proteínas homólogas en los genomas de cebada, sorgo, maíz, mijo y *Brachypodium distachyon*. Las secuencias proteicas obtenidas se alinearon y el resultado mostró que eran altamente homólogas entre sí (Fig. 14), lo que indica que la proteína homóloga tiene una función 30 biológica conservada y desempeña un papel importante en el desarrollo de la fertilidad masculina de la planta.

35 En el presente documento, la secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad de la cebada se mostró como la SEQ ID NO: 10 u 11, y la secuencia de aminoácidos del gen de fertilidad de la cebada se mostró como la SEQ ID NO: 12, la secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad del sorgo se mostró como la SEQ ID NO: 13 o 14, y la secuencia de aminoácidos del gen de fertilidad del sorgo se mostró como la SEQ ID NO: 15, la secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad ZmFL2 del maíz se mostró como la SEQ ID NO: 16 o 17, y la secuencia de aminoácidos del gen de fertilidad ZmFL2 del maíz se mostró como la SEQ ID NO: 18, la secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad del mijo se mostró como la SEQ ID NO: 19, y la secuencia de aminoácidos del gen de fertilidad del mijo se mostró como la SEQ ID NO: 20, la secuencia de nucleótidos del gen de fertilidad de *Brachypodium distachyon* se mostró como la SEQ ID NO: 21 40 o 22, y la secuencia de aminoácidos del gen de fertilidad de *Brachypodium distachyon* se mostró como la SEQ ID NO: 23.

Ejemplo 12 La aplicación del gen OsFL2 en la innovación de una nueva técnica de mejoramiento genético híbrido

45 El gen OsFL2 puede aplicarse en la nueva generación de técnicas de mejoramiento genético híbrido, y la idea central de la técnica fue: el mutante estéril masculino nuclear de arroz recesivo se utilizó como material aceptor de transformación, y tres genes estrechamente unidos se transformaron en el mutante estéril. Así pues, un gen de recuperación de la fertilidad puede recuperar la fertilidad del aceptor de transformación, un gen de inactivación del polen puede inactivar el polen que contiene el transgén, un gen de marcador por color puede utilizarse para clasificar 50 una semilla transgénica de una semilla no transgénica, y la semilla no transgénica clasificada se utilizó como la línea estéril, mientras que la semilla transgénica se utilizó como la línea de mantenimiento. La línea de mantenimiento puede polinizar la línea estéril para propagar la línea estéril, mientras que la línea de mantenimiento puede autopolinizarse. Como la técnica utiliza la biotecnología para producir un producto no transgénico, se resuelve el problema de la demora 55 en la producción de semillas híbridas de arroz, especialmente la baja utilización de recursos del método de tres líneas y la inestabilidad de la línea estéril del método de dos líneas.

Basándose en el principio mencionado anteriormente, los inventores utilizaron el gen OsFL2 del arroz para construir el vector de expresión pZN3. Antes de construir el vector de expresión en arroz, los inventores transformaron primero 60 cada uno de los tres casetes de expresión, Zm-PA, OsFL2 y RFP, en arroz, respectivamente, y además verificaron la función de cada casete de expresión. El resultado indicó que cada casete de expresión puede funcionar bien como se designó inicialmente cuando se transforma solo en arroz.

Además, el inventor construyó el vector pZN3 representado en la Fig. 15 ensamblando los siguientes elementos de ADN:

- 65 1) el vector pCAMBIA2300 como la estructura principal;

- 2) el casete de expresión LTP2: RFP(r)-PINII, un marco de lectura abierto del gen de RFP(r) (SEQ ID NO: 24) se unió entre el promotor de LTP2 (SEQ ID NO: 25) y el terminador de PINII (SEQ ID NO: 26) para recombinar el casete de expresión de RFP(r)) (LTP2: RFP(r): PINII),
- 5 3) el casete de expresión de OsFL2 que comprende la longitud completa de OsFL2 desde el promotor del gen hasta el terminador del gen como la SEQ ID NO: 27. La secuencia de nucleótidos completa entre el promotor y el terminador del gen marcador del gen OsFL2 era la SEQ ID NO: 4, y el promotor del gen OsFL2 era la SEQ ID NO: 3, el terminador del gen OsFL2 era la SEQ ID NO: 28, la secuencia de ADN genómico del gen OsFL2 era la SEQ ID NO: 27, la secuencia de aminoácidos de la proteína codificada por la secuencia de nucleótidos era la SEQ ID NO: 2,
- 10 4) el casete de expresión de PG47: ZM-BT1: ZM-PA: IN2-1, el marco de lectura abierto del gen de inactivación de polen ZM-PA (la secuencia de nucleótidos era la SEQ ID NO: 29) se unió al promotor de PG47 (la secuencia de nucleótidos era la SEQ ID NO: 30), la región secuencia abajo de un péptido de tránsito de ZM-BT1 (la secuencia de nucleótidos era la SEQ ID NO: 31), la región secuencia arriba del terminador de IN2-1 (la secuencia de nucleótidos era la SEQ ID NO: 32).
- 15 Transformación de arroz: el plásmido pZN3 se transformó en la cepa Ag10 de *Agrobacterium* mediante electroporación, y la transformación genética se llevó a cabo en callos de arroz de Huanghuazhan homocigótico para la mutación de OsFL2 estéril masculino recesivo a través de transformación mediada por *Agrobacterium*. Se obtuvieron 26 plantas transgénicas de copia única independientes. El material aceptor de transformación específico se obtuvo a través del siguiente proceso: la semilla de Huanghuazhan homocigótica para la mutación recesiva de OsFL2 se distinguió de la semilla heterocigótica mediante HRM (alta resolución de la temperatura de fusión) y se indujeron y transformaron los callos de la semilla mutante de Osfl2 homocigótica.
- 20 Examen de la fertilidad del polen del arroz transgénico: se analizaron 26 arroces transgénicos de copia única obtenidos (con el sitio estéril recesivo de OsFL2 homocigótico) y se descubrió que no había una diferencia morfológica significativa entre la planta transgénica y la planta no transgénica, mientras que la fertilidad era significativamente distintas. Se llevó a cabo un análisis de la capacidad de tinción del polen en la planta transgénica descrita anteriormente, utilizando el arroz de tipo silvestre como control (Fig. 16). El método adoptado incluyó: extraer una única planta al azar del arroz transgénico y del arroz de tipo silvestre como planta de control respectivamente en un período de floración, recoger una flor respectivamente de cualquiera de las plantas individuales obtenidas y obtener una antera respectivamente de las flores obtenidas, colocar a continuación la antera obtenida respectivamente en el centro de un portaobjetos de vidrio y añadir una gota de solución de I2-KI al 1 %, usando una pinza y una aguja de disección para liberar el polen, luego se cubrió el portaobjetos de vidrio con un cubreobjetos. La muestra se observó al microscopio para contar el número de polen teñido y el número total de polen. El polen teñido de negro azulado representaba el polen fértil, mientras que el polen teñido ligeramente representaba el polen abortado (la Fig. 16 representa los granos de polen fértiles y los granos de polen estériles después de la tinción). Se analizó la capacidad de tinción del polen del arroz transgénico y el resultado mostró que el polen teñible de la planta de control es de alrededor del 98 %~100 % mientras que la relación entre el polen normal (teñible) y el polen abortado (no teñible) fue de aproximadamente 1:1 en las plantas transgénicas. El resultado indicó que la línea de mantenimiento construida
- 25 puede producir la misma cantidad de granos de polen con el gen exógeno y sin el gen exógeno, es decir, la construcción pZN3 inactivó el 50 % del polen de la planta transgénica. El resultado indicó que el vector proporcionado en la presente divulgación es capaz de inactivar el polen como se esperaba.
- 30 Análisis de segregación de semillas fluorescentes y semillas no fluorescentes del arroz transgénico: se analizó la relación de segregación fluorescente de las semillas de la generación T1 de 26 arroces transgénicos de copia única obtenidos (con el sitio estéril recesivo de OsFL2 homocigótico) descrito anteriormente, y el resultado indicó que la relación de segregación de estas semillas fue de 1:1 (Fig. 17), es decir, la relación de segregación entre la semilla fluorescente con el transgén y la semilla no fluorescente sin el transgén fue de 1:1. El resultado también indicó que los elementos del vector como una combinación proporcionada en la presente divulgación se expresaron bien y pueden utilizarse para crear y realizar mejora genética de la línea estéril así como la línea de mantenimiento. A continuación, el gen OsFL2 puede recuperar la fertilidad del aceptor mutante estéril masculino, y la expresión del gen Zm-PA y del gen RFP puede utilizarse, respectivamente, para inactivar el polen y para la selección de semillas.
- 35 Listado de secuencias
- 40 <110> SHENZHEN INSTITUTE OF MOLECULAR CROP DESIGN FRONTIER LABORATORIES OF SYSTEMS CROP DESIGN CO.,LTD. SHENZHEN XINGWANG BIOSEED CO.,LTD.
- 45 <120> Gen de fertilidad y uso del mismo
- 50 <130>
- 55 <150> 201210445558.1
- 60 <151> 09/11/2012
- 65 <160> 42

<170> PatentIn versión 3.3

5 <210> 1

<211> 1767

<212> ADN

<213> *Oryza sativa indica*

10 <400> 1

ES 2 913 136 T3

atggcagcac ttggccgcgc gagctcgctg gcccgggtgc ttgccgcgc cgccgcgc	60
gcacgtgtcc ttcgtctctg cttcgccgcg ctctcgaaag agcaagagca actggagaac	120
ctgcgggtcg tgccggcacgc gcaggacgcg ccgctggtgt cgagctacaa ctacatgtc	180
atcgccggcg gcacggcggg gtccccgtg gcggcgacgc tgcggagca ctcgcgcgtg	240
ctgtgtctgg agcgccggcg cctgcgtac gccaacatgt cgagcgagca gcacttcacg	300
gacgcgtgg ccgacacgtc gccggcgtag ccggcgacgc gggtcatctc ggaggacggc	360
gtggtaacg cccgggcgcg ggtgtcgcc ggccggagct gcctcaacgc cgggttctac	420
acgcggcgca gcaacgagta cgtgcgcgc gccccgtgg acgcggcggt ggtgaactcg	480
tctgtaccgtt gggtgagcg ctcgtgggt ttccggcccg acgtgcccgc gtggcaggcg	540
gcgcgtccgcg acgcgtgtct cgaggctggc gtacacgcgc acaacggctt cacccgtac	600
cacgtcacccg gcaccaagat cggcgaccat atttcgaca actccggcca gcccacacc	660
gcgcggact tcctccgcca cggccccc cggccctca cggcctctt ctacgcacc	720
gtctccgtat tcctcttcaa aagccaagac ggggtgccgt accccgtggc gtacgggtg	780
gtgttctcggtt accccgtggg ggtgcagcac cgggtgtacc tccgcgacgg cgacaagaac	840
gaggtgatcg tgtcgccggg gacgctgggg agcccgacgc tgctgatgtc gagcggcg	900
ggccgcagg cgcacctgga ggcgcacggc atcgaggta tcgtggacca acccatggtc	960
gggcaggcg tcgcccaca cccgatgaac tcgggtttca tccgcgcgc ggtgcgggt	1020
gagctctccc tgggtcaggt cgtcgcatc acccgctccg gcagcttcat cgaggggtg	1080
agcggtcggtt agttcgcat gcccgtcg gacggcgcc tccgggtggc ggcagatcc	1140
gggatgtgtt cgccgcagac gggcagctc ggacgctgc cggcgaagca gaggacgcg	1200
gaggcgctgc agcggcgccg ggaggcgatg atgcggctgg acaggaggc gttccggg	1260
ggcttcatcc tggagaagat cctcgcccg gtgtcctccg gccacgtcga gctgcgaacc	1320
accgacccga gggcgaaccc gtcggtgacg ttcaactact tccgcgaggc ggaggatctg	1380
gagcggtcg tccatggcat cgagacgatc gagcgggtga tccagtcgcg ggcattctcc	1440
aacttcacct acgccaacgc ctccgtcgag tccatcttca ccgattccgc caacttcccc	1500
gtcaacctgc tgccgcgcga tgtcaacgac tcgcgtcgcc cggagcagta ctgcgtggac	1560
accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgcatg tcggcgccgt cgtcgacgc	1620
gattaccggg tggcgccgtt gcaggggttc agggtgatcg acagctccac cttcaagtac	1680
tccccggca ccaaccctca ggccacccgtc atgatgtcg gcaggtataat ggggtgtgaag	1740
attcagtccg agagatggaa gaaatga	1767

<210> 2

<211> 588

<212> PRT

<213> *Oryza sativa indica*

<400> 2

ES 2 913 136 T3

Met Ala Ala Leu Gly Arg Ala Ser Ser Ser Ala Pro Val Leu Ala Ala
1 5 10 15

Ala Ala Ala Ala Ala Val Leu Leu Ser Leu Cys Leu Ala Ala Leu Ser
20 25 30

Glu Glu Gln Glu Gln Leu Glu Asn Leu Arg Phe Val Arg His Ala Gln
35 40 45

Asp Ala Pro Leu Val Ser Ser Tyr Asn Tyr Ile Val Ile Gly Gly Gly
50 55 60

Thr Ala Gly Cys Pro Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val
65 70 75 80

Leu Leu Leu Glu Arg Gly Gly Leu Pro Tyr Ala Asn Met Ser Ser Glu
85 90 95

Gln His Phe Thr Asp Ala Leu Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala
100 105 110

Gln Arg Phe Ile Ser Glu Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val
115 120 125

Leu Gly Gly Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser
130 135 140

ES 2 913 136 T3

Asn Glu Tyr Val Arg Ala Ala Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn Ser
145 150 155 160

Ser Tyr Arg Trp Val Glu Arg Ser Leu Val Phe Arg Pro Asp Val Pro
165 170 175

Pro Trp Gln Ala Ala Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Val Gly Val Thr
180 185 190

Pro Asp Asn Gly Phe Thr Phe Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly
195 200 205

Gly Thr Ile Phe Asp Asn Ser Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe
210 215 220

Leu Arg His Ala Arg Pro Arg Gly Leu Thr Val Leu Leu Tyr Ala Thr
225 230 235 240

Val Ser Arg Ile Leu Phe Lys Ser Gln Asp Gly Val Pro Tyr Pro Val
245 250 255

Ala Tyr Gly Val Val Phe Ser Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val
260 265 270

Tyr Leu Arg Asp Gly Asp Lys Asn Glu Val Ile Val Ser Ala Gly Thr
275 280 285

Leu Gly Ser Pro Gln Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala
290 295 300

His Leu Glu Ala His Gly Ile Glu Val Ile Val Asp Gln Pro Met Val
305 310 315 320

Gly Gln Gly Val Ala Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser
325 330 335

Pro Val Pro Val Glu Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg
340 345 350

Ser Gly Ser Phe Ile Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Met Pro
355 360 365

Val Ser Asp Gly Ala Leu Arg Trp Ala Arg Ser Phe Gly Met Leu Ser
370 375 380

Pro Gln Thr Gly Gln Leu Gly Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro
385 390 395 400

ES 2 913 136 T3

Glu Ala Leu Gln Arg Ala Ala Glu Ala Met Met Arg Leu Asp Arg Arg
 405 410 415

Ala Phe Arg Gly Gly Phe Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser
 420 425 430

Ser Gly His Val Glu Leu Arg Thr Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ser
 435 440 445

Val Thr Phe Asn Tyr Phe Arg Glu Ala Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val
 450 455 460

His Gly Ile Glu Thr Ile Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ser
 465 470 475 480

Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Ala Ser Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser
 485 490 495

Ala Asn Phe Pro Val Asn Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg
 500 505 510

Ser Pro Glu Gln Tyr Cys Met Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr
 515 520 525

His Gly Gly Cys His Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val
 530 535 540

Phe Gly Val Gln Gly Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Lys Tyr
 545 550 555 560

Ser Pro Gly Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr
 565 570 575

Met Gly Val Lys Ile Gln Ser Glu Arg Trp Lys Lys
 580 585

<210> 3

<211> 2520

<212> ADN

<213> *Oryza sativa indica*

<400> 3

ggatTCGAG gatcaagctc cagatctcgA gcaaggcaag ccacCttGA acatcttGAG	60
cctatatTTG aaatttaatt atgttgcttG aaaaatatta tgcattgata ggaccgcact	120
taatCTGTTG acccgtctgc aaggcagatt ggcggaccta cctaatttgt tgcatttgat	180
ccttcctttG ttaattgtta tatcatgtcc ccttgtaacc atctagttgc gtctcgatAT	240

ES 2 913 136 T3

tcgtgcaccc	tgtgcgagta	tcgacggacg	ccttcaaact	taaaatctga	ataacaactt	300
gggtaaaact	tgggtttac	aaaagacttg	aaaaaccga	cacctggtc	ggtgcttgcg	360
aactaaatga	atttccaaaa	ccgcggaccg	gggaacgtac	cgggtgtacg	gtttcccgct	420
cttgcactta	aggaccgtt	ccttgaatt	tcatctaacc	ataagacaag	tacgaccaca	480
tgggtgaaat	gggacacccc	tggctgagta	actagcttat	caggggagcc	ttgatgccga	540
gagacatgtg	attcgcgg	ggtgggtcg	gggaggaccc	ctgggcttcc	tggcacagca	600
tggctggga	cctaacctgt	tgttgtctg	ggaccctct	cgtcagcata	tggtaaacct	660
gtgtcggtt	tcgaaatgcc	ttgtcatgaa	agcttggagg	tctccgacg	tggctgatcc	720
ccacgggctg	ggtgatccgg	gttagtaatg	tcgtgtgggt	aaagtgtacc	ccctctgcag	780
aggtaacaa	actgtttgaa	cagccgtgcc	cacggtcatg	ggcggatgtg	aggtgattcc	840
tagttagtt	ttgtttgact	actgcttgcg	aaattgctgt	tgtggaaagg	ggttcgatgt	900
ttgaaaaatc	tgcagctgat	aggatcagct	aggcccgggt	ggccgttga	aagttgttgg	960
cccggtggc	cgttggaaaag	ccgttggccg	ggtgccaacc	ttgattcatt	tctaaagact	1020
gatacattgc	acatactccg	accggacgag	acgcactgtc	tcatccgtgt	cgttgagaag	1080
cactcactta	gttgtttta	gaaaagagtt	caaataaaat	caattgcaaa	aacaacagtc	1140
ttttcttcaa	gcctgcatta	aacacttatt	tccatggct	tgctgagtagc	tcctgtactc	1200
acccttgctc	tatataaata	atcccccccc	agttgctgaa	gaagatgaag	cggAACCTGC	1260
tgatgaggag	ttttccagg	agcaagccgg	ctacgatgag	ttttagggtt	tggcctagt	1320
tcccaagtca	cgcctgtgtt	gtttggtcca	agtcctggct	tccgtttccc	ttttgtaatg	1380
cagttgtgag	ctcggatct	gtccgcagcc	caacataact	gtacctctac	tctataataa	1440
agagacctct	attgctgtga	tattccgtct	tcctgcgata	ccagcactgt	ttcctggac	1500
tggatcgat	taacaggtt	atttggagcg	tcacgggcta	attccggtcg	gtactagttc	1560
ggggcgtgac	aaaaacacaa	aaaaaagaaa	ccaaaccgtct	taaaacttac	aactttacca	1620
ttccggcaata	caactgcaat	ggccaagaa	gttaattaa	agttaaagagc	aaattcattt	1680
ggaccacctt	ttgttacaga	tgcttcaattt	tggaccacat	accacccatc	tctcttctcg	1740
agcatgaaca	atctcgat	cattggctcc	tactcatcaa	taaactctca	catastatat	1800
taaaaccatt	catcggtata	tgacaagtt	tatatggata	aaagagttga	ggatgatcca	1860
aaatgtcaca	aggtaagaa	taataaccgg	tataaagtga	gaacatcgat	aaacatcgct	1920
aataaaagtt	cgtctatagt	aaaatttact	ctaaaattaa	atcacctaatt	attttaat	1980
ttttttgtac	aatggacccg	tttcaatggg	gctttatcag	atttagttga	gatgcataca	2040
tggtaagcac	cgtcataatc	ttgccccaga	gctgacccaa	ctcataaaa	ttacgcttct	2100

ES 2 913 136 T3

tttacgactt aataaatcaa gaagaaacca ttgaaatcca gcctgccccg actgtctcg	2160
aacagaaaaa taactaagca acgactaaat tatgattta aaatggcaa aatatcaaag	2220
cacgttcgaa acaatcgcaa gattggcaag taaaactctcc tgcttgcttg ctcacaacca	2280
catcagatca ttgatcaatg tttcatcagc tcatacttc tgcatgcattt ttatattctt	2340
ctcagggctc ctccacaatt tacaaagctg ctcgaagatc ttctttgcag tgcaaagcaa	2400
tctgcaagat tattcaagac atctactctt gatctaccat tgagctaact ccggatata	2460
aaacagaccc aacgttcgt cccagggaa tgtgaaagtt agcgaatttgc cccggcgaaa	2520

5 <210> 4
<211> 5040
<212> ADN
<213> *Oryza sativa indica*
<400> 4

ES 2 913 136 T3

ggatttcgag gatcaagctc cagatctcg a gcaaggcaag ccaccc ttga acatcttgc ag	60
cctatatttg aaatttaattt atgttgcttg aaaaatatta tgcattgata ggaccgcact	120
taatctgttg acccgctctgc aaggcagatt ggcggaccta cctaatttgt tgcatggat	180
ccttcctttg ttaattgtta tatcatgtcc ccttgcataacc atcttagttgc gtctcgat	240
tgcgtgcaccc tgtgcgagta tcgacggacg ccttcaaact taaaatctga ataacaactt	300
gggtaaaaact tgggttttac aaaagacttg gaaaacccga cacctgggtc ggtgcttgcg	360
aactaaatga atttccaaaaa ccgcggaccg gggAACgtac cgggtgtacg gttcccgat	420
cttgcaactta aggaccgttt catttgcattt tcattctaaac ataagacaag tacgaccaca	480
tgggttggat gggacacccc tggctgagta actagcttat caggggagcc ttgtatgccg	540
gagacatgtg gattcgccgg ggtgggtcg gggaggaccc ctgggtttcc tggcacagca	600
tggcttggat cctaacctgt tggcttgcattt ggaccctct cgtcagcata tggtaaacct	660
gtgtcggctt tcgaaatgcc ttgtcatgaa agcttggagg tctcccgacg tggctgatcc	720
ccacgggctg ggtgatccgg gttagtaatg tcgtgtgggt aaagtgtacc ccctctgcag	780
aggtaacaa actgtttgaa cagccgtgcc cacggcatg ggcggatgtg aggtgattcc	840
tagttagtt ttgtttgact actgtttgtg aaattgtgt tggaaagg ggttcgtatgt	900
ttgaaaaatc tgcagctgat aggtcagct aggtccgggt ggccgttga aagttgttgg	960
cccggtggc cggtggaaag ccgttggccg ggtgccaaco ttgattcatt tctaaagact	1020
gatacattgc acataactccg accggacgag acgcactgtc tcattccgtt cgttgagaag	1080
cactcaacttta gttgtttta gaaaagagtt caaataaaat caattgc当地 aacaacagtc	1140
ttttcttgaa gcctgcatta aacacttatt tcccatggct tgctgagttac tcctgtactc	1200
acccttgctc tatataaata atcccccccc agttgctgaa gaagatgaag cggaacctgc	1260

ES 2 913 136 T3

tgatgaggag ttcttccagg agcaagccgg ctacgatgag ttttagggtt tcggcctagt	1320
tcccaagtca cgccctgtgtt gtttgtcca agtcctggct tccgtttccc tttttaatg	1380
cagttgtgag ctcggatct gtccgcagcc caacataact gtacctctac tctataataa	1440
agagacctt attgctgtga tattccgtct tcctgcgata ccagcactgt ttcctggac	1500
tggtatcgat taacaggtta atttggagcg tcacggcta attccgtcg gtactagttc	1560
ggggcgtgac aaaaacacaa aaaaaagaaa ccaaccgtct taaaacttac aactttacca	1620
ttcggcaata caactgcaat gggcaagaa gttaattaa agttaagagc aaattcattt	1680
ggaccacctt ttgttacaga tgcttcactt tggaccacat accacccatc tctcttctcg	1740
agcatgaaca atctcgatta cattggctcc tactcatcaa taaactctca catatatatg	1800
taaaaccatt catcggtata tgacaagtta tatatggata aaagagtga ggatgatcca	1860
aatatgtcaca aaggttaagaa taataaccgg tataaagtga gaacatcgat aaacatcgct	1920
aataaaagtt cgtctatagt aaaatttact ctaaaattaa atcacctaattttaat	1980
tttttgcacaa aatggaccg tttcaatggg gctttatcag atttagttga gatgcataca	2040
tggtaagcac cgctataatc ttgcccaaga gctgacccaa ctcattaaaa ttacgcttct	2100
tttacgactt aataaatacaaa gaagaaacca ttgaaatcca gcctgccccg actgtctcg	2160
aacagaaaaaa taactaagca acgactaaat tatgattttaaatggaaaa aatataaag	2220
cacgttcgaa acaatcgaa gattggcaag taaactctcc tgcttgcttgc tctacaacca	2280
catcagatca ttgatcaatg tttcatcagc tcatacttc tgcatgcatttatttctt	2340
ctcaggggctc ctccacaatt tacaaagctg ctcgaagatc ttctttgcag tgcaaagcaa	2400
tctgcaagat tattcaagac atctacttctt gatctaccat tgagctaact ccggatataat	2460
aaacagaccc aacgttcgtt cccaggggaa tgtgaaagtt agcgaatttgc cccggcgaaa	2520
atggcagcac ttggccgcgc gagctcgatcg ggcgggtgc ttgcccggc cggccggcc	2580
gccgtgctcc tctcgatctg cctcgccgcg ctctcgaaag agcaagggtgc gtaaacgttg	2640
cgttgatctt ttgcgttgat gcgtgttgatcg tgcgtcgatgttcatggcg tgcatggcg	2700
ttgtgcagag caactggaga acctgcgggtt cgtgcggcac ggcaggacg cggcgctgg	2760
gtcgagctac aactacatcg tcatacgccg cggcacggcg gggtgccgc tggccggc	2820
gctgtcgag cactcgccgcg tgctgtcgatggcgccgcg ggcctggcgat acgccaacat	2880
gtcgagcgag cagcacttca cggacgcgtt ggcggacacg tgcggcgatcg cggccggcgca	2940
gcgggttcatc tcggaggacg gcgtggatcgaa cggccggcg cgggtgtcg ggcggcgag	3000
ctgcctcaac gcccgggtctt acacgcgggc gagcaacggag tacgtgcggcg cggccgggtg	3060
ggacgcgcgg ctggtaact cgtcgatccg gtgggtggag cgctcgatgg tggtccggccc	3120
cgacgtgcgg cggcgccagg cggcgatccg cggcgatcg ctcgaggatcg ggcgtcacgccc	3180

ES 2 913 136 T3

cgacaacggc ttcacccctcg accacgtcac cgccaccaag atcggcggca ccatcttcga	3240
caactccggc cagcgccaca ccgcccggc cttccctccgc cacgcccggc cccgcggcct	3300
caccgtcctc ctctacgcca ccgtctcccc tatcctcttc aaaagccaag gtacacagct	3360
acgatgaaaa tggaaaatgt gctgtgcgcc gaagaagctt gacctcacga cggcgagctt	3420
ttgccatggc gtgcagacgg ggtgccgtac ccggtgccgt acggggtggt gttctcggac	3480
ccgctggggg tgcagcaccg ggtgtacctc cgcgacggcg acaagaacga ggtgatcgtg	3540
tcggcggggg cgctggggag ccccgagctg ctgatgctga gcggcgtcgg gccgcaggcg	3600
cacctggagg cgacacggcat cgaggtgatc gtggaccaac ccatggtcgg gcagggcg	3660
gccgacaacc cgatgaactc ggtgttcatc ccgtcgccgg tgccggtgga gctctccctg	3720
gtgcaggtcg tcggcatcac ccgctccggc agcttcatcg agggggtgag cgggtcggag	3780
ttcggcatgc cggtgtcgga cggcgcgctc cggtgccgcgc gcagcttcgg gatgctgtcg	3840
ccgcagacgg ggcagctcg cacgctgccc ccgaagcaga ggacgccgga ggcgctgcag	3900
cggcgccgg aggcgatgtat gcggctggac aggagggcgt tccggggagg cttcatcctg	3960
gagaagatcc tcgggcccgt gtctccggc cacgtcgagc tgcgaaccac cgacccgagg	4020
gcgaaccctcg cggtgacgtt caactacttc cgcgaggcgg aggtatctgga gcggtgcgtc	4080
catggcatcg agacgatcga gcgggtgatc cagtcgcccgc cttctccaa cttcacctac	4140
gccaacgcct ccgtcgagtc catttcacc gattccgcca acttccccgt caacctgctg	4200
ccgcgcctatg tcaacgactc ggcgtcgccg gagcagtact gcatggacac cgtcatgacc	4260
atctggcact accacggcg ctgcatgtc ggcgtcgccg tcgacgacga ttaccgggt	4320
ttcgggggtgc aggggctcag ggtgatcgac agtccaccc tcaagtactc ccccgccacc	4380
aaccctcagg ccaccgtcat gatgctcgcc aggttaactgg catcattta gctcatgaaa	4440
gtgcattgcc attagtaaca acacactaac agtatagttt tcaatatgga cactggcag	4500
gtatatgggt gtgaagattc agtccgagag atgaaagaaa ttagtaacaa aagataattt	4560
cgtttcagga gcaaaaaaat gcatgtattt caaggaaaag aaaatgttca actgtcttta	4620
gagtttagag tagattttat ttgcacccac ttaattttta ctcttctcta gacatagggt	4680
cagttctgc ttgttgatta tgtaacccat aagaaggcatt gcaaaaaacaa agcggaaact	4740
tatgttacca agggcatgac gaagaaataa atggattaga tttcattgac acttagaaaa	4800
tggaaaccaggc aaatcaaggc tgaaaataat tacactagaa acttatttttta atggctttac	4860
atgtcgctac atacttaaat caatcaaagt tgctacccaa gccatgttcc ctaaacagag	4920
ggttccgggc tctcaaacat tcttaatctt ctatacattt ataaaaagta tacataaaaa	4980
gaaaacctat taagatggaa atgttgaatt ctcttaagaa aggcataaaaa aatgcagggt	5040

ES 2 913 136 T3

<210> 5
<211> 1761
<212> ADN
<213> *Oryza sativa japonica*

5

<400> 5

ES 2 913 136 T3

atggcagcac ttggccgcgc gagctcgctg gcccgggtgc ttgccgcgc cggccgcgtg	60
ctcctctcgc tctgcctcgc cgccgtctcg gaagagcaag agcaacttggaa aacacctgcgg	120
ttcggtcgcc acgcgcagga cgcggccgtg gtgtcgagct acaactacat cgtcatcgcc	180
ggccgcacgg cgggggtgccc gctggccggcg acgctgtcg ggactcgccg cgtgtcgctg	240
ctggagcgccg gggggctgcc gtacgccaac atgtcgagcg agcagcactt cacggacgcg	300
ctggccgaca cgtacgccccg gtcgccccggc cagcgggttca tctcgagga cggcgtggtg	360
aacgccccggg cgggggtgtct cggccgggggg agctgcctca acgccccgtt ctacacgcgg	420
gcgagcaacg agtacgtcg cgcctccggg tgggacgcgc ggctggtgaa ctcgtcgta	480
cggtgtggtgg agcgctcgct ggtgttccgc cccgacgtgc cgcgtggca ggcggcgctc	540
cgcgcacgcgc tgctcgaggt cggcgtcacg cccgacaacg gttcacctt cgaccacgtc	600
accggcacca agatcgccgg caccatcttca gacaactccg gccagcgcca caccggccccc	660
gacttcctcc gccacgccccg ccccccggc ctcaccgtcc tctctacgc caccgtctcc	720
cgtatcctct tcaaaagcca agacggggtg ccgtacccgg tggcgtacgg ggtgggttgc	780
tcggacccgc tgggggtgca gcaccgggtg tacctccgcg acggcgacaa gaacgagggt	840
atcggtcg cggggacgct ggggagcccg cagctgtga tgctgagcg cgtcgcccg	900
caggcgcacc tggaggcgca cggcatcgag gtgatcggtt accaaccat ggtcgcccg	960
ggcgtcgccg acaacccat gaactcggtt ttcattccgt cgcgggtgcc ggtggagctc	1020
tccctggtgc aggtcgctgg catcaccgc tccggcagct tcattcgagg ggtgagcg	1080
tcggagttcg gcatgcccgt gtcggacggc ggcgtccgg gggcgccgat cttcggtatg	1140
ctgtcgccgc agacggggca gctcgacgcg ctggccgcg agcagaggac gcccggaggcg	1200
ctgcagcgccg cggcggaggc gatgatcggtt ctggacagga gggcggttccg gggaggctt	1260
atcctggaga agatcctcg gccgggttcc tccggccacg tcgagctgcg aaccaccac	1320
ccgagggcga acccgccgtt gacgttcaac tacttccgcg aggcagagga tctggagcg	1380
tgcggtccatg gcatcgagac gatcgagcggtt gtgatccagt cgcggccctt ctccaaactt	1440
acctacgcca acgcctccgt cgagtccatc ttcaccgtt ccgcacactt ccccgtaac	1500
ctgctgccgc gccatgtcaa cgactcgccgc tccggccggc agtactgcgtt ggacaccgtc	1560
atgaccatct ggcactacca cggccggctgc catgtcgccgc ccgtcgctga cgacgattac	1620
cgggtgttcg ggggtcgagg gctcagggtt atcgacagct ccaccccaa gtactcccc	1680
ggcaccaacc ctcaggccac cgtcatgtatg ctcggcaggat atatgggtgtt gaagattcag	1740
tccgagagat ggaagaaaatg a	1761

ES 2 913 136 T3

<211> 586
<212> PRT
<213> Oryza sativa japonica

5 <400> 6

Met Ala Ala Leu Gly Arg Ala Ser Ser Ser Ala Pro Val Leu Ala Ala
1 5 10 15

Ala Ala Ala Val Leu Leu Ser Leu Cys Leu Ala Ala Leu Ser Glu Glu
20 25 30

Gln Glu Gln Leu Glu Asn Leu Arg Phe Val Arg His Ala Gln Asp Ala
35 40 45

Pro Leu Val Ser Ser Tyr Asn Tyr Ile Val Ile Gly Gly Thr Ala
50 55 60

Gly Cys Pro Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val Leu Leu
65 70 75 80

Leu Glu Arg Gly Gly Leu Pro Tyr Ala Asn Met Ser Ser Glu Gln His
85 90 95

Phe Thr Asp Ala Leu Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala Gln Arg
100 105 110

Phe Ile Ser Glu Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val Leu Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser Asn Glu
130 135 140

Tyr Val Arg Ala Ser Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn Ser Ser Tyr
145 150 155 160

Arg Trp Val Glu Arg Ser Leu Val Phe Arg Pro Asp Val Pro Pro Trp
165 170 175

Gln Ala Ala Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Val Gly Val Thr Pro Asp
180 185 190

Asn Gly Phe Thr Phe Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly Gly Thr
195 200 205

ES 2 913 136 T3

Ile Phe Asp Asn Ser Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe Leu Arg
210 215 220

His Ala Arg Pro Arg Gly Leu Thr Val Leu Leu Tyr Ala Thr Val Ser
225 230 235 240

Arg Ile Leu Phe Lys Ser Gln Asp Gly Val Pro Tyr Pro Val Ala Tyr
245 250 255

Gly Val Val Phe Ser Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val Tyr Leu
260 265 270

Arg Asp Gly Asp Lys Asn Glu Val Ile Val Ser Ala Gly Thr Leu Gly
275 280 285

Ser Pro Gln Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala His Leu
290 295 300

Glu Ala His Gly Ile Glu Val Ile Val Asp Gln Pro Met Val Gly Gln
305 310 315 320

Gly Val Ala Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser Pro Val
325 330 335

Pro Val Glu Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg Ser Gly
340 345 350

Ser Phe Ile Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Met Pro Val Ser
355 360 365

Asp Gly Ala Leu Arg Trp Ala Arg Ser Phe Gly Met Leu Ser Pro Gln
370 375 380

Thr Gly Gln Leu Gly Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro Glu Ala
385 390 395 400

Leu Gln Arg Ala Ala Glu Ala Met Met Arg Leu Asp Arg Arg Ala Phe
405 410 415

Arg Gly Gly Phe Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser Ser Gly
420 425 430

His Val Glu Leu Arg Thr Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ser Val Thr
435 440 445

Phe Asn Tyr Phe Arg Glu Ala Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val His Gly
450 455 460

ES 2 913 136 T3

Ile Glu Thr Ile Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ser Asn Phe
465 470 475 480

Thr Tyr Ala Asn Ala Ser Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser Ala Asn
485 490 495

Phe Pro Val Asn Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg Ser Pro
500 505 510

Glu Gln Tyr Cys Met Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr His Gly
515 520 525

Gly Cys His Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val Phe Gly
530 535 540

Val Gln Gly Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Lys Tyr Ser Pro
545 550 555 560

Gly Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr Met Gly
565 570 575

Val Lys Ile Gln Ser Glu Arg Trp Lys Lys
580 585

<210> 7
<211> 1767
5 <212> ADN
<213> *Oryza sativa*

<400> 7

ES 2 913 136 T3

atggcagcac ttggccgcgc gagctcgctg ggcgcgggtgc ttgccgcgc cggccggcc	60
gcccgtgctcc tctcgctctg cctcgccgcg ctctcggaag agcaagagca actggagaac	120
ctgcggttcg tgcggcacgc gcaggacgcg ccgctggtgt cgagctacaa ctacatcg	180
atcggcggcg gcacggcggg gtgccccgtg gcccgcacgc tgtcggagca ctcgcgcgt	240
ctgctgctgg agcgcggcg cctgcccgtac gccaacatgt cgagcgagca gcacttcacg	300
gacgcgctgg ccgacacgtc gccggcgctg ccggcgcagc gggtcatctc ggaggacggc	360
gtggtaacg cccggcgcg ggtgctcgcc ggcgggagct gctcaacgc cgggttctac	420
acgcgggcga gcaacgagta cgtgcgcgccc gccgggtggg acgcgggt ggtgaactcg	480
tcgtaccgtt ggggtggagcg ctgcgtggtg ttccgccccg acgtgccgccc gtggcaggcg	540
gcgctccgcg acgcgcgtgct cgaggtcgcc gtcacgccc acaacggctt cacttcgac	600
cacgtcaccg gcaccaagat cggcggcacc atcttcgaca actccggcca gcccacacc	660
gccgcccact tcctccgcca cgcccgcccc cgccgcctca ccgtccctct ctacgccacc	720
gtctcccgta tcctcttcaa aagccaagac ggggtgccgt acccggtggc gtacgggtg	780
gtgttctcg acccgctggg ggtgcagcac cgggtgtacc tccgcacgg cgacaagaac	840
gaggtgatcg tgcggcggg gacgctgggg agccgcaga tgctgatgct gagcggcg	900
ggccgcagg cgcacctgga ggcgcacggc atcgaggtga tcgtggacca acccatggtc	960
gggcaggcg tcgcccacaa cccgatgaac tcgggtttca tccctcgcc ggtccgggt	1020
gagctctccc tggtgaggt cgtcggcatc acccgctccg gcagttcat cgaggggtg	1080
agcgggtcg agttcggcat gccgggtcg gacggcgcgc tccgggtggc ggcagcttc	1140
gggatgctgt cgccgcagac gggcagctc ggcacgctgc cggcaagca gaggacgccc	1200
gaggcgctgc agcggcgccg ggaggcgatg atgcggctgg acaggagggc gttccgggaa	1260
ggcttcatcc tggagaagat cctcgcccg gtgtcctccg gccacgtcg gctgcgaacc	1320
accgaccgaa gggcgaaccc gtcggtgacg ttcaactact tccgcagggc ggaggatctg	1380
gagcggtgcg tccatggcat cgagacgatc gagcgggtga tccagtcgcg ggccttc	1440
aacttcacct acgccaacgc ctccgtcgag tccatcttca cccattccgc caactcccc	1500
gtcaacctgc tgccgcgcca tgtcaacgc tcgcgtcgcc cggagcagta ctgcgtggac	1560
accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgccatg tcggcgccgt cgtgcacgac	1620
gattaccggg tggcgccgt gcaggggctc agggtgatcg acagctccac cttcaagtac	1680
tcccccgaca ccaaccctca ggccaccgtc atgatgtcg gcaggtatat gggtgtgaag	1740
attcagtccg agagatggaa gaaatga	1767

<210> 8
<211> 588

ES 2 913 136 T3

<212> PRT
<213> *Oryza sativa*

<400> 8

5

Met Ala Ala Leu Gly Arg Ala Ser Ser Ser Ala Pro Val Leu Ala Ala
1 5 10 15

Ala Ala Ala Ala Ala Val Leu Leu Ser Leu Cys Leu Ala Ala Leu Ser
20 25 30

Glu Glu Gln Glu Gln Leu Glu Asn Leu Arg Phe Val Arg His Ala Gln
35 40 45

Asp Ala Pro Leu Val Ser Ser Tyr Asn Tyr Ile Val Ile Gly Gly Gly
50 55 60

Thr Ala Gly Cys Pro Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val
65 70 75 80

ES 2 913 136 T3

Leu Leu Leu Glu Arg Gly Gly Leu Pro Tyr Ala Asn Met Ser Ser Glu
85 90 95

Gln His Phe Thr Asp Ala Leu Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala
100 105 110

Gln Arg Phe Ile Ser Glu Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val
115 120 125

Leu Gly Gly Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser
130 135 140

Asn Glu Tyr Val Arg Ala Ala Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn Ser
145 150 155 160

Ser Tyr Arg Trp Val Glu Arg Ser Leu Val Phe Arg Pro Asp Val Pro
165 170 175

Pro Trp Gln Ala Ala Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Val Gly Val Thr
180 185 190

Pro Asp Asn Gly Phe Thr Phe Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly
195 200 205

Gly Thr Ile Phe Asp Asn Ser Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe
210 215 220

Leu Arg His Ala Arg Pro Arg Gly Leu Thr Val Leu Leu Tyr Ala Thr
225 230 235 240

Val Ser Arg Ile Leu Phe Lys Ser Gln Asp Gly Val Pro Tyr Pro Val
245 250 255

Ala Tyr Gly Val Val Phe Ser Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val
260 265 270

Tyr Leu Arg Asp Gly Asp Lys Asn Glu Val Ile Val Ser Ala Gly Thr
275 280 285

Leu Gly Ser Pro Gln Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala
290 295 300

His Leu Glu Ala His Gly Ile Glu Val Ile Val Asp Gln Pro Met Val
305 310 315 320

Gly Gln Gly Val Ala Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser

ES 2 913 136 T3

	325	330	335
Pro Val Pro Val Glu Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg			
340	345	350	
Ser Gly Ser Phe Ile Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Met Pro			
355	360	365	
Val Ser Asp Gly Ala Leu Arg Trp Ala Arg Ser Phe Gly Met Leu Ser			
370	375	380	
Pro Gln Thr Gly Gln Leu Gly Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro			
385	390	395	400
Glu Ala Leu Gln Arg Ala Ala Glu Ala Met Met Arg Leu Asp Arg Arg			
405	410	415	
Ala Phe Arg Gly Gly Phe Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser			
420	425	430	
Ser Gly His Val Glu Leu Arg Thr Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ser			
435	440	445	
Val Thr Phe Asn Tyr Phe Arg Glu Ala Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val			
450	455	460	
His Gly Ile Glu Thr Ile Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ser			
465	470	475	480
Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Ala Ser Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser			
485	490	495	
Ala Asn Phe Pro Val Asn Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg			
500	505	510	
Ser Pro Glu Gln Tyr Cys Met Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr			
515	520	525	
His Gly Gly Cys His Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val			
530	535	540	
Phe Gly Val Gln Gly Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Lys Tyr			
545	550	555	560
Ser Pro Asp Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr			
565	570	575	

ES 2 913 136 T3

Met	Gly	Val	Lys	Ile	Gln	Ser	Glu	Arg	Trp	Lys	Lys
					580					585	

5 <210> 9
 <211> 949
 <212> ADN
 <213> *Oryza sativa*
 <400> 9

aaaacacaaa	aaaaagaaac	caaccgtctt	aaaacttaca	actttaccat	tcggcaatac	60
aactgcaatg	ggccaagaag	ttaatttaaa	gttaagagca	aattcatttg	gaccacctt	120
tgttacagat	gcttcacttt	ggaccacata	ccacccatct	ctcttctcg	gcatgaacaa	180
tctcgattac	attggctcct	actcatcaat	aaactctcac	atatatatgt	aaaaccattc	240
atcggtatat	gacaagttat	atatggataa	aagagttgag	gatgatccaa	aatgtcacaa	300
aggttaagaat	aataaccggt	ataaaagttag	aacatcgata	aacatcgcta	ataaaagttc	360
gtctatagta	aaatttactc	taaaattaaa	tcacctaata	ttttaatatt	tttttgtaca	420
aatggaccgt	ttcaatgggg	ctttatcaga	tttagttgag	atgcatacat	gttaagcacc	480
gtcataatct	tgcccaagag	ctgacccaac	tcattaaaat	tacgottctt	ttacgactta	540
ataaaatcaag	aagaaaccat	tgaaatccag	cctgccccga	ctgtctcgta	acagaaaaat	600
aactaagcaa	cgactaaatt	atgattttaa	aatggcaaaa	atataaaagc	acgttcgaaa	660
caatcgcaag	attggcaagt	aaactctcct	gcttgcttgc	tcacaaccac	atcagatcat	720
tgatcaatgt	ttcatcagct	catcaattct	gcatgcatgt	tatattcttc	tcagggctcc	780
tccacaattt	acaaagctgc	tcgaagatct	tctttgcagt	gcaaagcaat	ctgcaagatt	840
attcaagaca	tctactcttg	atctaccatt	gagctaactc	cgatataata	aacagaccga	900
acgtttcgtc	ccagggaaat	gtgaaagtta	gcgaatttgc	ccggcgaaa		949

10 <210> 10
 <211> 2285
 <212> ADN
 <213> *Hordeum vulgare*
 <400> 10

ES 2 913 136 T3

acgatgaacc aaggcaggccc tttagaaaaaa tatagtgcac gcgcaaaagc gtctcaagat	60
tggccagtaa accctcgcat ttgatatact cttccgtct aaaaacaaag ctcatcactt	120
ttgcatttcg caaccaatgc actgcatttg atataaccat tcccttcta tagtaacaca	180
attttatggg ctcctcgcg ctgttcttg cactgtaatt atttaacaca tctaccctcg	240
atctaccgc ttgctaactc caggttata aaccaagcga acttttcgag tccctgaagc	300
gtaaaggatg ctgagctcg cggcgaaat ggcacttggc cgcgcgagat cgccggcgct	360
ggtgctagtc gccggcggtcc ttggctcgct ctgcatcgtc gcactctcg aggatggtgc	420

ES 2 913 136 T3

gtatgctcac ctgcacatggtt ttctgggg gttggacat cggtacgtg cgtgtgtttt	480
ctgtcatgat cggtggacat tgtatgacc aaaatggtgt gccgtcggtg tgtgcagagc	540
aactggagaa cctgcgggttc gtgcagcacf cgcaaggacgc gcccgtggtg tcgcacttca	600
actacatcggt ggtcgccggc ggcacgtccg ggtggccgct ggccggcagc ctgtcgagc	660
actcgccgggt gtcctgtcg gagcgcgggg gcctcccta ccgcaacatg tcgaaccagg	720
agcacttcac ggacgcgtg gcccacacgt cgctggcgta cccggcgcag cggttcatct	780
cgacggacgg cgtggtaac gcgcggcgc gggtgctggg cggcgggagc tgccctcaacg	840
ccgggttcta cacgcgggcc agcaacgagt acgtgcgcac ggcgggtgg gacgccaggg	900
tggtaactc gtcgtaccgg tgggtggagc ggcgcgtgg gttccggccc gacgtgcccgc	960
cgtggcaggc cgccgtccgg gacgcgtgc tggaggccgg cgtaaccccg gataacggat	1020
tcacccatcgaa ccacgtgacg gggaccaaga tcggcggcac catcttcgac aacaacgggc	1080
agccgcacac cgccgcccac ttccctccggc acgccccggc gccccggctc accgtggtgc	1140
tctacgccac ggtgtcgccgg atccgttca ggagccagga ggggggtgg taccgggtgg	1200
cgtacgggggt ggtgttcgcg gacccgctgg gggtgacca cccgggtgtac ctccgggacg	1260
ggccaagaa cgaggtgatc ctgtcgccgg ggacgcgtgg gagccgcag ctgctgatgc	1320
tgagcggcgt cggccgcag ggcacactgg aggacgcacgg catccaggtg ctggtgacc	1380
agcccatggt cgggcagggc gtggccgaca accccatgaa ctggcttca atccgtcgcc	1440
ccgtccccgt ggggtctcc ctgggtcagg tggtcggat caccaagtcc ggcagcttca	1500
tcgagggcgt gagcggctcc gagttcgca tccgggtgtc ggacggcgcac cggccctcg	1560
ccaacttcgg cctcttcgt cccagacccg ggcagctcg cacgctgccc cccggccaga	1620
ggacgcccga ggcgcgtcag cggcggcgg aggacgttag ggcgcgtggac cggcggcgt	1680
tccggggcgg ctcatcctg gagaagatcc tggggccgg gtcacgggg cacatcgagc	1740
tgcgcaccac cgacccgcgc gccaacccgg ccgtcacctt caactacttc caggaggcgg	1800
aggacctgga gcggtcggtg cggggatcc agaccatcga gcccgtgtc cagtcgcgc	1860
cattctccaa cttcacctac gccaacacca ccgtcgagtc catcttcacc gactcgccca	1920
acttccccgt caacccatcg ccgcggcacg tcaacgactc ccgctcgccg gagcagttact	1980
gcagggagac cgtcatgacc atctggact accacggcgg ctggcacgtc ggagccgtcg	2040
tgcacgacaa ctaccgggtg ttccgggtgg gggggctcag ggtcatcgac agctccaccc	2100
tcaagttactc cccggcacc aaccgcagg ccaccgtcat gatgtcgac aggtaaacac	2160
cagacccttg caattatact gatctgaatg aatgaactcg actaacacga acgttataaa	2220
tctggtatgt acaggtatat gggcataaaag attcaggccg agagatggag gaaatgat	2280
ttcag	2285

ES 2 913 136 T3

<211> 1767
<212> ADN
<213> *Hordeum vulgare*

5 <400> 11

ES 2 913 136 T3

atgctgagct cgccggcgca aatggcactt ggccgcgcga gatgcgcggc gctggtgcta	60
gtcgccgccc tccttggttc gctctgcattc gtgcactct cggaggatga gcaactggag	120
aacctgcggt tcgtgcagca cgccgaggac gcccgcctgg tgtgcactt caactacatc	180
gtggtcggcg gcggcacgtc cgggtgcccc ctggcggcga cgctgtcgga gcactcgccg	240
gtgctctgc tggagcgcgg gggactcccc taccgcaaca tgtcgaacca ggagcacttc	300
acggacgcgc tggccgacac gtcgctggcg tccccggcgc agcggttcat ctcgacggac	360
ggcgttgtga acgcgcgggc gcgggtgctg ggcggcggga gctgcctcaa cgccgggttc	420
tacacgcggg ccagcaacga gtacgtgcgc acggccgggt gggacgccag gctggtaac	480
tcgtcgtacc ggtgggtgga gcgcgcgtc gtgttccggc ccgacgtgcc gccgtggcag	540
gccgcgcgtcc gggacgcgtc gctggaggcc ggcgtcaccc cggacaacgg attcacctc	600
gaccacgtga cggggaccaa gatcggcggc accatcttcg acaacaacgg gcagcggcac	660
accgcgcggc acttcctccg gcacgccccg ccgcgggggc tcaccgttgt gctctacgcc	720
acggtgtcgc ggatcctgtt caggagccag gaggggggtgc cgtacccgggt ggcgtacggg	780
gtggtgttgc cggaccggct ggggggtgcag caccgggtgt acctccggga cggggccaag	840
aacgaggtga tcctgtcggc ggggacgcgtc gggagccgcg agctgctgat gctgagcggc	900
gtcgccccgc aggccgcacct ggaggcgcac ggcacccagg tgctggtgga ccagcccatg	960
gtcgggcagg gcgtggccga caaccccatg aactcggtct tcataccgtc gcccgtgccc	1020
gtggggctct ccctggtgca ggtggtcggg atcacaagt ccggcagctt catcgagggc	1080
gtgagcggct ccgagttcgg catcccggtc tcggacggcg cccggccct cgccaaatcc	1140
ggccttttat cgccccagac cggcagctc ggcacgcgtc cgccgggcca gaggacgcgg	1200
gaggcgctgc agcgggcggc ggaggcgatg aggcggctgg accggcgggc gttccggggc	1260
ggcttcatcc tggagaagat cctggggccg gtgtcgacgg ggcacatcga gctgcgcacc	1320
accgacccgc ggcaccaaccc ggccgtcacc ttcaactact tccaggaggc ggaggacctg	1380
gagcgggtcgc tgcggggat ccagaccatc gagcgggtga tccagtcgcg cgcatctcc	1440
aacttcaccc acgccaacac caccgtcgag tccatcttcg ccgactcgcc caacttcccc	1500
gtcaacctgc tgccgcggca cgtcaacgcac tccccgtcgc cggagcagta ctgcagggag	1560
accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgccacg tcggagccgt cgtcgacgac	1620
aactaccggg tttcggggt gggggggctc agggtcatcg acagctccac cttcaggtac	1680
tcggccgcac ccaacccgcac ggccacccgtc atgatgctcg gcaggtatat gggcataaaag	1740
attcaggccg agagatggag gaaatga	1767

<210> 12

<211> 588

<212> PRT

<213> *Hordeum vulgare*

ES 2 913 136 T3

<400> 12

Met Leu Ser Ser Pro Ala Gln Met Ala Leu Gly Arg Ala Arg Ser Pro
1 5 10 15

Ala Leu Val Leu Val Ala Ala Val Leu Gly Ser Leu Cys Ile Val Ala
20 25 30

Leu Ser Glu Asp Glu Gln Leu Glu Asn Leu Arg Phe Val Gln His Ala
35 40 45

Gln Asp Ala Pro Leu Val Ser His Phe Asn Tyr Ile Val Val Gly Gly
50 55 60

Gly Thr Ser Gly Cys Pro Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg
65 70 75 80

Val Leu Leu Leu Glu Arg Gly Gly Leu Pro Tyr Arg Asn Met Ser Asn
85 90 95

Gln Glu His Phe Thr Asp Ala Leu Ala Asp Thr Ser Leu Ala Ser Pro
100 105 110

Ala Gln Arg Phe Ile Ser Thr Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg
115 120 125

Val Leu Gly Gly Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala
130 135 140

Ser Asn Glu Tyr Val Arg Thr Ala Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn
145 150 155 160

Ser Ser Tyr Arg Trp Val Glu Arg Ala Leu Val Phe Arg Pro Asp Val
165 170 175

Pro Pro Trp Gln Ala Ala Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val
180 185 190

Thr Pro Asp Asn Gly Phe Thr Phe Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile
195 200 205

ES 2 913 136 T3

Gly Gly Thr Ile Phe Asp Asn Asn Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp
210 215 220

Phe Leu Arg His Ala Arg Pro Arg Gly Leu Thr Val Val Leu Tyr Ala
225 230 235 240

Thr Val Ser Arg Ile Leu Phe Arg Ser Gln Glu Gly Val Pro Tyr Pro
245 250 255

Val Ala Tyr Gly Val Val Phe Ala Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg
260 265 270

Val Tyr Leu Arg Asp Gly Ala Lys Asn Glu Val Ile Leu Ser Ala Gly
275 280 285

Thr Leu Gly Ser Pro Gln Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln
290 295 300

Ala His Leu Glu Ala His Gly Ile Gln Val Leu Val Asp Gln Pro Met
305 310 315 320

Val Gly Gln Gly Val Ala Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro
325 330 335

Ser Pro Val Pro Val Gly Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr
340 345 350

Lys Ser Gly Ser Phe Ile Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Ile
355 360 365

Pro Val Ser Asp Gly Ala Arg Arg Leu Ala Asn Phe Gly Leu Phe Ser
370 375 380

Pro Gln Thr Gly Gln Leu Gly Thr Leu Pro Pro Gly Gln Arg Thr Pro
385 390 395 400

Glu Ala Leu Gln Arg Ala Ala Glu Ala Met Arg Arg Leu Asp Arg Arg
405 410 415

Ala Phe Arg Gly Gly Phe Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser
420 425 430

Thr Gly His Ile Glu Leu Arg Thr Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ala
435 440 445

Val Thr Phe Asn Tyr Phe Gln Glu Ala Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val

ES 2 913 136 T3

450

455

460

Arg Gly Ile Gln Thr Ile Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ser
465 470 475 480

Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Thr Thr Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser
485 490 495

Ala Asn Phe Pro Val Asn Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg
500 505 510

Ser Pro Glu Gln Tyr Cys Arg Glu Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr
515 520 525

His Gly Gly Cys His Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asn Tyr Arg Val
530 535 540

Phe Gly Val Gly Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Arg Tyr
545 550 555 560

Ser Pro Gly Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr
565 570 575

Met Gly Ile Lys Ile Gln Ala Glu Arg Trp Arg Lys
580 585

<210> 13

<211> 1964

5 <212> ADN

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 13

ES 2 913 136 T3

atggcgccctg ggcttgcgag ctggcccgag ctgggggttt tggccatcgt tcttggctcc	60
tcgtgcctcg tcgcgcctc ggaggatggt tcgtgccgtg ccggactgca tgccgtgaat	120
atggtcatgc gttttgttt tctttggat tttctgcact tctgcaaacg tctgaatcgg	180
tgcatggtca tatgtatgtg cagagccact ggagaacctg cggttcgttc gccacgcgca	240
ggacgcgccc ctggtgtcgc aataacaacta catcgtcatc ggccggggca cggcgggatg	300
cccgctggcg gcgacgcgtgt cgagcactc ccgcgtgctg ctccctggagc gcggaggcct	360
ccccctaccgc aacatgtcca accagcagca cttcacggag gcgctggcg acacgtcccc	420
ggcgctcgccc gcgcagcggt tcacatccga ggacggcgtg gtgaacgcgc gggcgcgggt	480
gctggggcggc gggagctgcc tcaacgcgg cttctacacg cggggcagca acgactacgt	540
gcgcgcggcc ggggtgggaca cccgcctcgt caactcctcg taccactggg tggagcgcgc	600
gctcggttgc cgccccggacg tgccccatg gcaggccgcg ctccgcgacg cgctgctgga	660

ES 2 913 136 T3

ggccggcgtc	accccgaca	acggcttac	cttcgaccac	gtccgggca	ccaagatcg	720
cggcaccatc	tgcacagca	gcggcagcg	gcacaccgc	gccgacttcc	tccgccacgc	780
gcggcccagg	ggcctcaccg	tgttcctcta	cgctaccgtc	tcgaggatcc	tcttcaggca	840
gcaagagggc	gtgccgtacc	cggtggcgta	cggcgtggtg	ttcacggacc	cgctggcg	900
gcagcaccgg	gtgtacctcc	gcgacggcg	caagaacgag	gtgatcctgt	ccgcggggac	960
gctggggagc	ccgcagctgc	tgatgctgag	cggcgtcgga	ccgcaggcgc	acctggaggc	1020
gcacggcatc	caggtgctgg	tcgaccagcc	catggtcggg	cagggcgtgg	ccgacaaccc	1080
catgaactcg	gtgttcatcc	cgtcgccgt	gcccgtcacg	ctctcgctcg	tgcaggtcg	1140
cgggatcacc	cggttcggca	gcttcatcga	ggcgtcagc	ggctccgagt	tcggcatccc	1200
cgtctccgac	ggcgccccgc	gcctagctcg	caacttcggc	ctcttctctc	ctcaggtgt	1260
gtcggtcggt	ccggtcggtg	ttcgattcca	tactgacagc	aacatagccg	ccggaaatga	1320
aatgtactga	ctactgacgg	atcatcttgc	ggcagaccgg	gcagctggc	acgctgccgc	1380
cgaagcagag	aacccggag	gctctggagc	ggcggcgga	ggcgatgcgg	cggtggaca	1440
ggcggcggtt	ccggggcg	ttcatcctgg	agaagatcct	gggcccggtg	tcgtcggggc	1500
acatcgagct	gcggtccg	gaccgcgc	cgaaccggc	ggtgacgttc	aactacttcc	1560
aggagtcgga	ggacctggag	cggtcgtgc	acggcatcca	gacgatcgag	cggtgatcc	1620
agtccgggc	ttcgccaac	ttcacctacg	ccaacgcgtc	cgtggagtcc	atcttcaccc	1680
actccgccaa	tttccccgtc	aacctcctgc	cgcggcacgt	caacgactcc	cggacgccc	1740
agcagtaactg	cagggacacc	gtcatgacca	tctggacta	ccacggcgga	tgccaggtcg	1800
gcgcgcgtgt	cgacgacgt	tacccggtgt	tcggcgtgca	gcggctcagg	gtgatcgaca	1860
gctccacgtt	caagtactcc	ccggggacca	acccgcaggc	caccgtcatg	atgctcgaa	1920
ggtatatggg	ggtaaaatt	caggcccaga	gatggaggaa	atga		1964

<210> 14

<211> 1749

<212> ADN

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 14

5

ES 2 913 136 T3

atggcgactg ggcttgcgag ctcggcccg ctgggggttt tggccatcg tcttggctcc	60
tcgtgcctcg tcgcgcctc ggaggatgag ccactggaga acctgcggtt cggtcgccac	120
gcccaggacg cggcgctggt gtcgcaatac aactacatcg tcatcgccgg cggcacggcg	180
ggctgcccgc tggcggcgac gctgtcgag cactcccgcg tgctgctcct ggagcgcgga	240
ggcctcccc accgcaacat gtccaaaccag cagcacttca cggaggcgct ggcggacacg	300
tccccggcgt cgcccgcgca gcggttcatc tccgaggacg gcgtggtaa cgccgcggcg	360
cgggtgctgg gggcgggag ctgcctcaac gccggcttct acacgcgggc cagcaacgac	420
tacgtgcgac cggccgggtg ggacacccgc ctcgtcaact cctcgatcca ctgggtggag	480
cgcgcgctcg tggtccgccc ggacgtgccc ccatggcagg cccgcgtccg cgacgcgctg	540
ctggaggccg gcgtcaccac cgacaacggc ttacacattcg accacgtccc gggcaccaag	600
atcggcggca ccacatccgaa cagcagcggg cagcggcaca ccgcgcgcga cttaatccgc	660
cacgcgcggc ccaggggcct caccgtgttc ctctacgcta ccgtctcgag gatccttttc	720
aggcagcaag agggcgtgcc gtacccggtg gcgtacggcg tgggtttcac ggacccgctg	780
ggcgtgcagc accgggtgta ctcgcgcac ggccgcaga acgagggtat cctgtccgcg	840
gggacgctgg ggagccgcgca gctgctgatg ctgagcggcg tcggaccgcg ggcgcacctg	900
gaggcgcacg gcatccaggt gctggtcgac cagccatgg tcggcaggg cgtggccgc	960
aacccatga actcggttt catccgtcg ccgggtcccg tcacgtctc gatcgatcg	1020
gtcgatggta tcacccgggtt cggcagcttc atcgaggcg tcagcggctc cgatcgatcg	1080
atcccgatct ccgacggcgcc cggccgccta gctgcact tcggccttt ctctccatcg	1140
accgggcacg tgggcacgat gccgcgcaga cagagaaccc cggaggctct ggagcggcg	1200
gcggaggcga tgccggcgct ggacaggcgg gcgttccggg gcggatccat cctggagaag	1260
atccatggcc cggatcgatc gggcacatc gagctgcggg cccgcgcaccc ggcgcgcgaa	1320
ccggcggtga cttcaacta cttccaggag tcggaggacc tggagcggtg cgtgcacggc	1380
atccatggcgatcgatc gatccatcgatcc cggccatcgatcc ccaacttcac ctacgccaac	1440
gcgtccgtgg agtccatctt caccgactcc gccaacttcc ccgtcaacct cctggccgcgg	1500
cacgtcaacg actcccgac gcccggcag tactgcaggg acaccgtat gaccatctgg	1560
cactaccacg gcggatgcga ggtccggcgcc gtcgtcgacg acgattaccg ggtgttcggc	1620
gtgcagcggc tcagggtatcgatcc acgttcaagt actcccgagg gaccaaccccg	1680
caggccacccg tcatgtatcgatcc acgttcaagt atgggggtga aaattcaggc ccagagatgg	1740
aggaaatga	1749

ES 2 913 136 T3

<210> 15
<211> 582
<212> PRT
<213> *Sorghum bicolor*

5

<400> 15

Met Ala Pro Gly Leu Ala Ser Ser Ala Ala Leu Gly Val Leu Ala Ile
1 5 10 15

Val Leu Gly Ser Ser Cys Leu Val Ala Leu Ser Glu Asp Glu Pro Leu
20 25 30

ES 2 913 136 T3

Glu Asn Leu Arg Phe Val Arg His Ala Gln Asp Ala Pro Leu Val Ser
35 40 45

Gln Tyr Asn Tyr Ile Val Ile Gly Gly Thr Ala Gly Cys Pro Leu
50 55 60

Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val Leu Leu Leu Glu Arg Gly
65 70 75 80

Gly Leu Pro Tyr Arg Asn Met Ser Asn Gln Gln His Phe Thr Glu Ala
85 90 95

Leu Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala Gln Arg Phe Ile Ser Glu
100 105 110

Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val Leu Gly Gly Ser Cys
115 120 125

Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser Asn Asp Tyr Val Arg Ala
130 135 140

Ala Gly Trp Asp Thr Arg Leu Val Asn Ser Ser Tyr His Trp Val Glu
145 150 155 160

Arg Ala Leu Val Phe Arg Pro Asp Val Pro Pro Trp Gln Ala Ala Leu
165 170 175

Arg Asp Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val Thr Pro Asp Asn Gly Phe Thr
180 185 190

Phe Asp His Val Pro Gly Thr Lys Ile Gly Gly Thr Ile Phe Asp Ser
195 200 205

Ser Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe Leu Arg His Ala Arg Pro
210 215 220

Arg Gly Leu Thr Val Phe Leu Tyr Ala Thr Val Ser Arg Ile Leu Phe
225 230 235 240

Arg Gln Gln Glu Gly Val Pro Tyr Pro Val Ala Tyr Gly Val Val Phe
245 250 255

Thr Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val Tyr Leu Arg Asp Gly Gly
260 265 270

Lys Asn Glu Val Ile Leu Ser Ala Gly Thr Leu Gly Ser Pro Gln Leu
275 280 285

ES 2913 136 T3

Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala His Leu Glu Ala His Gly
290 295 300

Ile Gln Val Leu Val Asp Gln Pro Met Val Gly Gln Gly Val Ala Asp
305 310 315 320

Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser Pro Val Pro Val Thr Leu
325 330 335

Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg Phe Gly Ser Phe Ile Glu
340 345 350

Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Ile Pro Val Ser Asp Gly Ala Arg
355 360 365

Arg Leu Ala Arg Asn Phe Gly Leu Phe Ser Pro Gln Thr Gly Gln Leu
370 375 380

Gly Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro Glu Ala Leu Glu Arg Ala
385 390 395 400

Ala Glu Ala Met Arg Arg Leu Asp Arg Arg Ala Phe Arg Gly Gly Phe
405 410 415

Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser Ser Gly His Ile Glu Leu
420 425 430

Arg Ser Ala Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ala Val Thr Phe Asn Tyr Phe
435 440 445

Gln Glu Ser Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val His Gly Ile Gln Thr Ile
450 455 460

Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ala Asn Phe Thr Tyr Ala Asn
465 470 475 480

Ala Ser Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser Ala Asn Phe Pro Val Asn
485 490 495

Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg Thr Pro Glu Gln Tyr Cys
500 505 510

Arg Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr His Gly Gly Cys Gln Val
515 520 525

Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val Phe Gly Val Gln Arg Leu

ES 2 913 136 T3

530

535

540

Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Lys Tyr Ser Pro Gly Thr Asn Pro
545 550 555 560

Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr Met Gly Val Lys Ile Gln
565 570 575

Ala Gln Arg Trp Arg Lys
580

<210> 16

<211> 2585

5 <212> ADN

<213> Zea mays

<400> 16

ES 2 913 136 T3

ctcacagcaa attcgatcga cgcatattcg tcatccagct ccgtttaaaa tgcgtgctca	60
ttatccctca agcatgcata tactatatat gatgcagatc atatatgacc tttatacaat	120
tatcaccacc tcgattcctc gcggcacatc tttgcaccgc agaacgaccg tgcagtattt	180
tatacaaaca tctactctcg atctacccat gagctaactc ccaatatata agcgagccga	240
acttttctcc tatctgagca ctgctgctgc tgaaaatggc gcctgggctt gcgaactggg	300
tcgcgctggc tctgaccgtc ctccctggc tctcgtgcct cgtcgtcgcg ctctcggagg	360
atggtttgcg ccggacttgt cacgcgtct ttggtatttc tgcaaggcttg caaacgtgtg	420
aattggcatg gacatgtgca gaaacactgg acaagctgca gttcgtgcgc cacgcacagg	480
acgcgcgcgc ggtgtcgca gataactaca tcgtgatcgg cggcggcacg gcgggggtgcc	540
cgtcccgcaa catgtccgac cagcagcaact tcacggacgc gctggcggac acgtccccgg	600
cgtcgcccgc gcagcgggttc gtgtccgagg acggcgttgtt gaacgcgcgg gcccgggtgc	660
tgggcggggg cagctgcctc aacgcgggtt tctacacgcg ggccagcacc gactacgtgc	720
gcgcgcgcgg ctgggacgccc cgcctcgta actcgatccta ccgcgtgggtt gagcgcgcgc	780
tcgtgttccg cccgcgcgtt ccccggtggc aggccgcgtt ccgcgcgcg ctgctcgagg	840
ccggcgtcac gcccacaac ggcttcaccc tcgaccacgt cacggcacc aagatcgaaa	900
gcaccatctt cgacagcagc ggccagcgcc acaccgcgc cgaatttcctc cgccacgcgc	960
gccccagggg gctcaccgtt ttccctctacg ctaccgtctc caggatcctc ttcaagacagc	1020
aaggtagtacgta cgtgcgtgca cggctccgc attttttttt cgacagtgcg ggctggcacg	1080
atcgcgctct gaagcgaga atcgatcgat gtgcacagag ggcgtgccgt acccggtggc	1140
gtacgggtgtt gtgttacgg acccgatcgg ggtgcagcac cgggtgttacc tccgggacgg	1200
	1260

ES 2 913 136 T3

cgccaagaac gaggtgatcc tgcggcgaaa gacgctgggg agcccgac tgctgatgt	1320
gagcggcgta ggcccgcaagg cgcacctgga ggcgcacggc gtccaggtgc tggggacca	1380
gcccatggtc gggcagggcg tggctgacaa cccatgaaac tcggtgttca tcccgctgcc	1440
ggtgcccgtc acgctgtcgc tcgtcaggt cgtcgggatc acccggtccg gcagcttcat	1500
cgagggcgtg agcggctccg agttcggcat cccgtctcc gagggcgccc gtcgcctggc	1560
tcgcagcttc ggctctttt ctccgcagac gggcagctg ggcacgttgc cgccgaagca	1620
gagaacccca gaggccctgg agcgcgcggc ggaggcgatg cggcggctgg acaggcgggc	1680
gttccggggc ggattcatcc tggagaagat cctggggccc gtctcctcgg gccacgtcga	1740
gctgcggtcc gccgaccgcg gcgcgaaccc ggccgtgacg ttcaactact tccaggagtc	1800
ggaggacctg cagcggtgcg tgccgcggcat ccagacgatc gagcgcgtga tccagtcccc	1860
ggccttcgccc aacttcacct acgccaacgc ttccacggag tccatcttca ccgactccgc	1920
caacttcccc gtcaacctcc tgccgcggca cgtcaacgc tccggacgc ccgagcagta	1980
ctgcagggac accgtcatga ccatctggca ttaccacggc ggggccagg tcggcgcgcgt	2040
cgtggacgac gattaccggg tgccggcgt gcagcgactg agggtgatcg acagctccac	2100
gttcaagtac tccccggca ccaacccgca ggccaccgtc atgatgctcg gaaggtatat	2160
gggtgtgaaa attcaggccg agagatggag gaaatgatcg agattcaag tttcagcatg	2220
gtcttagggac taggcctcta gctgtataa tgaatatcaa tcaacacatc tgtaactgg	2280
taactgctct agcctctaga gtaggttta ttttctcta gatattttt taatctcctc	2340
tagacatact cctagcttcc gcatgttgtt gttccattt caccacaccc ctagatgcat	2400
tgttcagcat ttgcgggaa taatgagaat tatgctgaaa aggcatgatc gtcctcctg	2460
cctattctac agaaaattaa ataaagaacc gccatttcat caaataaacc aaaggccgtg	2520
ttctgtggat tggaaaggat cgaggaagat taaatcgtt ctatttaatt ttcccttaat	2580
tttaa	2585

<210> 17
 <211> 2242
 <212> ADN
 <213> Zea mays

<400> 17

ES 2 913 136 T3

atggcgccctg ggcttgcgaa ctgggtcgcg ctgggtcgcg ctgggtctga ccgtcctcct 60
tggtctctcg tgcactcgta tcgcgcgttc ggaggatggt ttgtgtatggt ttgtgccgga 120
cttgcacgc gctcttttgtt atttctgcag ttctgcaaac gtgtgaattt gcatgaattt 180
gcatggacat gtgcagaaac actggacaag ctgcggttcg tgccacgc acaggacgcg 240
cccctacgcg cccctggtgtt cgcaatcacaa ctacatcgat atcggcggcg gcacggcggg 300

ES 2 913 136 T3

gtgcccgtg	gcggccgtg	gcggcgacgc	tgtcgagaca	ctcgccgtg	ctgtcctgg	360
agcgcggggg	cctccgtcc	cgcaacgtcc	cgcaacatgt	ccgaccagca	gaacttcacg	420
gacgcgtgg	cggacacgtc	cccggcgtcg	cccggcgtcg	cccgcgcagc	ggttcgtgtc	480
cgaggacggc	gtggtaacg	cgcggcccg	ggtgctggc	gggggtggc	gggggcagct	540
gcctcaacgc	cgggttctac	acgcgggcca	gcaccgacta	cgtgcgcgcc	gccggggcgcc	600
gccggctggg	acgcccgcct	cgtcaactcg	tcctaccgt	gggtggagcg	cgcgctcg	660
ttccgtcg	ttccgccccg	ccgtgccccc	gtggcaggcc	gctcccgcg	acgctgtgt	720
cgaggccggc	gtcacccggc	gtcacggccg	acaacggctt	cacccgtac	cacgtcacgg	780
gcaccaagat	cgggggcacc	atcttgacc	atcttcgaca	gcagcggcca	gcccacacc	840
gccggcgact	tcctccgcca	cgcgcgcccc	agggggcccc	agggggctca	ccgtgttct	900
ctacgctacc	gtctccagga	tcctttcag	acagcaaggt	acgtaaaggt	acgtacgtgc	960
gtgcacggct	tccgcattt	ttttcgaca	gtgcgggtcg	gcacgatcg	gtctatcg	1020
gctctgaagc	ggagaatcgt	gctgtgtcg	cagagggcgt	gccgtacccg	gtggcgtacg	1080
gtgtggtacg	gtgtggtgtt	cacggacccg	ctcggtgtc	agcaccgggt	gtaccccg	1140
gacggcgcca	agaaccgcca	agaacgaggt	gatctgtcg	gcggggacgc	tggggagccc	1200
cgagctgctg	atgctgagcg	gcgtcgagcg	gcgtcgcc	gcaggcgcac	ctggaggcgc	1260
acggcgtcca	ggtgctggtg	gaccagccca	tggcgccca	tggcggca	ggcggtggct	1320
gacaacccga	tgaactcggt	gttcatcccg	tgcgggtgc	ccgtcggtgc	ccgtcacgct	1380
gtcgctcg	caggtcg	ggatccccg	gtccggcagc	ttcatcgagg	gctgtgcgagg	1440
gcgtgagcgg	ctcccgatcc	ggcatccccg	tctccgaggg	cgcccgatcg	ctggctcgca	1500
gcttcggc	gcttcggc	cttcttc	cagacggggc	agctggcac	gttgcgc	1560
aagcagagaa	ccccagagaa	ccccagaggc	cctggagcgc	gcggcggagg	cgatgcggcg	1620
gctggacagg	cgggcg	ggggcg	ggggcg	catcctggag	aagatcctgg	1680
gccccgtctc	ctcggccac	gtcgagctcg	gtcccg	gtcccgccga	cccgcg	1740
aacccggcgg	tgacgttcaa	ctacttccag	gagtcggagg	acctggagg	acctgcagcg	1800
gtgcgtgc	ggcatccaga	cgatcgagcg	cgtgatccag	tcccg	ccat	1860
tcgccaactt	cacctacg	ttcc	ccat	tcgccaact	tcgccaact	1920
tcccccaact	tccccgtcaa	cctctg	ccg	ccat	ccat	1980
cagtactgca	gggac	ctgca	gggacaccgt	catgaccatc	tggcattacc	2040
ccaggtcg	ccgtcg	gg	ggaccgtgg	acgacgatta	ccgggtgttc	2100
gactgagggt	gatcgac	acg	acgacg	gttca	gttca	2160
ccgcaggc	ccgtcatgat	gctcg	gagg	tatatgggt	tgaaaattca	2220

ES 2 913 136 T3

ggccgagaga tggagaaat ga

2242

5
<210> 18
<211> 672
<212> PRT
<213> Zea mays
<400> 18

Met Ala Pro Gly Leu Ala Asn Trp Val Ala Leu Val Leu Thr Val Leu
1 5 10 15

Leu Gly Leu Ser Cys Leu Val Val Ala Leu Ser Glu Asp Glu Thr Leu
20 25 30

Asp Lys Leu Arg Phe Val Arg His Ala Gln Asp Ala Pro Leu Val Ser
35 40 45

Gln Tyr Asn Tyr Ile Val Ile Gly Gly Thr Ala Gly Cys Pro Leu
50 55 60

Ala Ala Thr Leu Ser Glu Gly Cys Pro Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu
65 70 75 80

His Ser Arg Val Leu Leu Leu Glu Arg Gly Gly Leu Pro Ser Arg Asn
85 90 95

Met Ser Asp Gln Gln His Phe Thr Asp Ala Leu Ala Asp Thr Ser Pro
100 105 110

Ala Ser Pro Ala Gln Arg Phe Val Ser Glu Asp Gly Val Val Asn Ala
115 120 125

Arg Ala Arg Val Leu Gly Gly Ser Cys Leu Asn Arg Val Leu Gly
130 135 140

Gly Gly Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser Thr Asp
145 150 155 160

Tyr Val Arg Ala Ala Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn Ser Ser Tyr
165 170 175

Arg Trp Val Glu Arg Ala Leu Val Phe Arg Pro Ala Val Pro Pro Trp
180 185 190

Gln Ala Ala Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val Thr Pro Asp
195 200 205

ES 2 913 136 T3

Asn Gly Leu Glu Ala Gly Val Thr Pro Asp Asn Gly Phe Thr Phe Asp
210 215 220

His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly Gly Thr Ile Phe Asp Ser Ser Gly
225 230 235 240

Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe Leu Arg His Ala Arg Pro Arg Gly
245 250 255

Leu Thr Val Phe Leu Tyr Ala Thr Val Ser Arg Ile Leu Phe Arg Gln
260 265 270

Gln Glu Gly Val Pro Tyr Pro Val Arg Gln Gln Glu Gly Val Pro Tyr
275 280 285

Pro Val Ala Tyr Gly Val Val Phe Thr Asp Pro Leu Gly Val Gln His
290 295 300

Arg Val Tyr Leu Arg Asp Gly Ala Lys Asn Glu Val Ile Leu Ser Ala
305 310 315 320

Gly Thr Leu Gly Ser Pro Gln Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro
325 330 335

Gln Ala His Leu Glu Ala His Gly Val Gln Val Leu Val Asp Glu Ala
340 345 350

His Gly Val Gln Val Leu Val Asp Gln Pro Met Val Gly Gln Gly Val
355 360 365

Ala Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser Pro Val Pro Val
370 375 380

Thr Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg Ser Gly Ser Phe
385 390 395 400

Ile Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Ile Pro Val Ser Glu Gly
405 410 415

Ala Arg Arg Leu Ile Pro Val Ser Glu Gly Ala Arg Arg Leu Ala Arg
420 425 430

Ser Phe Gly Leu Phe Ser Pro Gln Thr Gly Gln Leu Gly Thr Leu Pro
435 440 445

Pro Lys Gln Arg Thr Pro Glu Ala Leu Glu Arg Ala Ala Glu Ala Met
450 455 460

ES 2 913 136 T3

Arg Arg Leu Asp Arg Arg Ala Phe Arg Gly Gly Phe Ile Leu Glu Lys
465 470 475 480

Ile Leu Gly Pro Val Ser Ser Gly His Val Ile Leu Gly Pro Val Ser
485 490 495

Ser Gly His Val Glu Leu Arg Ser Ala Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ala
500 505 510

Val Thr Phe Asn Tyr Phe Gln Glu Ser Glu Asp Leu Gln Arg Cys Val
515 520 525

Arg Gly Ile Gln Thr Ile Glu Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ala
530 535 540

Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Ala Ser Thr Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser
545 550 555 560

Ala Ser Thr Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser Ala Asn Phe Pro Val Asn
565 570 575

Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg Thr Pro Glu Gln Tyr Cys
580 585 590

Arg Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr His Gly Gly Cys Gln Val
595 600 605

Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val Phe Gly Val Gln Arg Leu
610 615 620

Arg Val Ile Asp Ser Ser Val Gln Arg Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser
625 630 635 640

Thr Phe Lys Tyr Ser Pro Gly Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met
645 650 655

Leu Gly Arg Tyr Met Gly Val Lys Ile Gln Ala Glu Arg Trp Arg Lys
660 665 670

<210> 19
<211> 1959
<212> ADN
<213> *Setaria italica*
<400> 19

ES 2 913 136 T3

tttgcggcg aaaatggcgc tggggcttgc gagctggcg gcgctggttc tagccaccat	60
cctgggctcc ttgtgcctcg tcgcactctc agaggatgag caactcgaga acctgcggtt	120

ES 2 913 136 T3

cgtgcggcgc gcacaggacg cgccctggt gtcgcactac aactacatca tcatcgccgg	180
cggcacggcg ggttgccac tggccgcac gctgtcgag cactcccgcg tgctgctcct	240
ggagcgcggt ggcctccct accgcaacat gtccaaccag cagcacttca cggacgcgct	300
ggcggacacg tccccggcgt cgccggcgca gcggttcatc tccgaggacg gcgtggtgaa	360
cgcccggcgc cgggtgctgg gcggtggcag ctgcctcaac gccgggtct acacgcgcgc	420
cagcaacgac tacgtgcacg ccgcgggtg ggacgcgcgc ctgcgtcaact cgtcctaccg	480
ctgggtggag cgcgcgctgg tgttccgccc cgacgttccg ccgtggcagg cggcgctccg	540
cgacgcgctg ctcgaggccg gcgtcacgca cgacaacggg ttcacccctcg accacgtcac	600
ggggaccaag atcgggggca ccatttcga cagcagcgg cagcggcaca cggccgcccga	660
cttcctccgc cacgcgcgc ccggggcct caccgtgctc ctctacgcca cctgcgtcgag	720
gatcctcttc aggacgcagg agggggcgcc gtacccggtg gcgtacggcg tgggtttca	780
cgacccgctg ggggtgcagc accgggtgta cttccaggac ggccgcaaga acgaggttat	840
cctatcgccg gggacgcgtgg ggagcccgca gctgctgatg ctgagcggcg tcgggcccga	900
ggcgcacctg gaggcgcacg gcgtccaggt gctagtggac cagcccatgg tcgggcaggg	960
cgtggccgac aatcccatga actcggtgtt catccgtcg cccgtgcccgc tcgcgtctc	1020
gctcggtcgag gtcgtggga tcacccgcac cggcagcttc atcgagggcg tcagcggctc	1080
cgagttcggc atcccagtct ccgagggcgt cccgcgcctc gtcgcact tcggccttt	1140
cttcctctcg accgggcagc tcggcactgc cccgcgaag cagaggacgc cggaggcgt	1200
gcagcgcgcg cggaggcga tgcggcggct ggacaggcgg gcgtccggg gcggcttcat	1260
cctggagaag atcctggggc ccgtgtcgta gggccacatc gagctgcgtt ccaccgaccc	1320
gcgcgcgaac ccggcggtga cgttcaacta cttccaggag aaggaggacc tggaccggtg	1380
cgtgcgtggc atcgagacga tcgagcgggt catccagtcc cggccctcg ccaatttcac	1440
ctacgccaac gcctccgtcg agtccatctt caccgactcc gccaacttcc cctgcaccc	1500
gctgcgcgcg cacgccaacg actcccggac gccggagcag tactgcaggg acaccgtcat	1560
gaccatctgg cactaccacg gcggctgcca ggtcgccgc gtcgtcgacg atgactaccg	1620
ggtgttcggc gtgcagcggc tcagggtcat cgacagctcc accttcaagt actccccagg	1680
caccaacccg caggccaccc tcatacgatgc cgaaaggat atgggtgtga aaatccaggc	1740
agagagatgg aggaaatgtat caagaagagc aaatgatttc tgtatcgaaa tacctgacta	1800
tctgcgttag agtagttta ttttattttt ctcttactc ttctctagag atagttctag	1860
tttccgggtt tgattccaa atccttcaca cccttgagat gcatagctca gcatttcgca	1920
agaacagtga aaaattatgc tgcattggca tgatggaaa	1959

<210> 20
<211> 581

ES 2913 136 T3

<212> PRT
<213> *Setaria italica*

<400> 20

5

Met Ala Leu Gly Leu Ala Ser Ser Ala Ala Leu Val Leu Ala Thr Ile
1 5 10 15

Leu Gly Ser Leu Cys Leu Val Ala Leu Ser Glu Asp Glu Gln Leu Glu
20 25 30

Asn Leu Arg Phe Val Arg Arg Ala Gln Asp Ala Pro Leu Val Ser His
35 40 45

Tyr Asn Tyr Ile Ile Gly Gly Thr Ala Gly Cys Pro Leu Ala
50 55 60

Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val Leu Leu Leu Glu Arg Gly Gly
65 70 75 80

Leu Pro Tyr Arg Asn Met Ser Asn Gln Gln His Phe Thr Asp Ala Leu
85 90 95

Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala Gln Arg Phe Ile Ser Glu Asp
100 105 110

Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val Leu Gly Gly Ser Cys Leu
115 120 125

Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser Asn Asp Tyr Val His Ala Ala
130 135 140

Gly Trp Asp Ala Arg Leu Val Asn Ser Ser Tyr Arg Trp Val Glu Arg
145 150 155 160

Ala Leu Val Phe Arg Pro Asp Val Pro Pro Trp Gln Ala Ala Leu Arg
165 170 175

Asp Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val Thr Pro Asp Asn Gly Phe Thr Phe
180 185 190

Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly Gly Thr Ile Phe Asp Ser Ser
195 200 205

Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe Leu Arg His Ala Arg Pro Gly
210 215 220

ES 2 913 136 T3

Gly Leu Thr Val Leu Leu Tyr Ala Thr Val Ser Arg Ile Leu Phe Arg
225 230 235 240

Gln Gln Glu Gly Ala Pro Tyr Pro Val Ala Tyr Gly Val Val Phe Ser
245 250 255

Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val Tyr Leu Gln Asp Gly Gly Lys
260 265 270

Asn Glu Val Ile Leu Ser Ala Gly Thr Leu Gly Ser Pro Gln Leu Leu
275 280 285

Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala His Leu Glu Ala His Gly Val
290 295 300

Gln Val Leu Val Asp Gln Pro Met Val Gly Gln Gly Val Ala Asp Asn
305 310 315 320

Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser Pro Val Pro Val Ala Leu Ser
325 330 335

Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Arg Thr Gly Ser Phe Ile Glu Gly
340 345 350

Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Ile Pro Val Ser Glu Gly Val Arg Arg
355 360 365

Leu Ala Arg Asn Phe Gly Leu Phe Ser Pro Gln Thr Gly Gln Leu Gly
370 375 380

Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro Glu Ala Leu Gln Arg Ala Ala
385 390 395 400

Glu Ala Met Arg Arg Leu Asp Arg Arg Ala Phe Arg Gly Gly Phe Ile
405 410 415

Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser Ser Gly His Ile Glu Leu Arg
420 425 430

Ser Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ala Val Thr Phe Asn Tyr Phe Gln
435 440 445

Glu Lys Glu Asp Leu Asp Arg Cys Val His Gly Ile Glu Thr Ile Glu
450 455 460

Arg Val Ile Gln Ser Arg Ala Phe Ala Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Ala
465 470 475 480

ES 2 913 136 T3

Ser Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser Ala Asn Phe Pro Val Asn Leu
485 490 495

Leu Pro Arg His Ala Asn Asp Ser Arg Thr Pro Glu Gln Tyr Cys Arg
500 505 510

Asp Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr His Gly Gly Cys Gln Val Gly
515 520 525

Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val Phe Gly Val Gln Arg Leu Arg
530 535 540

Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Lys Tyr Ser Pro Gly Thr Asn Pro Gln
545 550 555 560

Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr Met Gly Val Lys Ile Gln Ala
565 570 575

Glu Arg Trp Arg Lys
580

<210> 21
<211> 2000
<212> ADN
<213> *Brach*

<400> 21

atggcactt gccgcgcat ctggcgccg ctggtgctcg ccggcccggt cttactcgcc	60
tcgctctgcc ccgtcgccct ctggaggac ggtgcgtaca tatattctgc cttccgtgtt	120
tcttaagtt tcacgactca cgattaacgt gtctcattcg tgctgcaga gcgactggag	180
aacctgcggt tcgtgcagca cgcatcgac gcgcggctgg tgctgcactt caactacatc	240
atcggtggcg ggggcacgtc ggggtgcccgc ctggcgccga cgctgtcgga gcactcgccg	300
gtgctccctcc tggagcgggg cgggctgcccgc cacgccaaca tgctgagcca ggagcacttc	360
acggacgcgc tggcggacac gtccccggcg tccccggcgc agcggtttgt ttcgaaagac	420
gggggtggtga acgccccgcgc cagggtgctt ggccggagggga gctgcctcaa cgcgggcttc	480
tacacgcgcgc ccagcaacga gtacgtgcgc accggccgggt gggaccccag gctggtaaac	540
tcgtcctacc gctgggtgga gcgcgcgcgc gtgttccggc caggcgtgcc gccgtggcag	600
gcggctctgc gggacgcgcgt gtcgaggcc ggcgtcacgc cggataacgg cttcacgttt	660
gatcatgtca cggggaccaa gatcgggggc accatcttcg acggcaacgg ccagcggcac	720
acggccgcgc acttcctacg gcacgcccagg cccaggggcc tcaccgttgt gctctacgccc	780
accgtgtcac ggatcctt cagaagccaa ggtactttt catgatcccta atttcatgtc	840

ES 2 913 136 T3

gaactacgca	gaaagaagta	agaacgactt	attttgtgc	cgtgacacta	ctgttagaggg	900
cgttccgtac	ccggtgtgcgt	acggggtggt	gttcggggac	ccgctgggg	tgcagcaccg	960
ggtgtacctc	cgtgacgggg	ccaagaacga	ggtgatcctg	gcggccggga	cgctggggag	1020
cccgcagctg	ctgatgctga	gcggcgtggg	ccgcagggcg	cacctggagg	cccacggcat	1080
ccagggccctg	gtcgaccagc	ccatggtcgg	gcagggcgtc	gccgacaacc	ccatgaactc	1140
ggtgttcatc	ccgtcgccgg	tgcccggtgg	cctctccctg	gtgcaggtcg	tcggcatcac	1200
caagtccggc	agtttcatcg	agggcgtcag	cggctcggag	ttcggcatcc	cggtctccga	1260
cagcgcggc	cgcctcgccg	ccagcttcgg	cctcttctct	cctcagaccg	ggcagctcgg	1320
cacgctgccc	cccaaggcaga	ggacgcccga	ggcgctgcag	cgcgcggcgg	acgccccatgcg	1380
gcggctcgac	cggcgccgt	tccggggcgg	cttcatcctg	gagaagatcc	tcggggccggt	1440
ctccacgggg	cacgtcgagc	tccggaccac	ggacccgagg	gccaaaccgg	cggtgctgtt	1500
caactacttc	caggaggcgg	aggaccttgg	gcggtgctgt	cggggatcc	agacgatcga	1560
gcgtgtgatc	gcgtcgccgt	cctttcgaa	cttcacctac	tccaacgcct	ccgtggagtc	1620
catcttcagc	gactcggcga	acttccccgt	gaacctgctg	ccgcggcacg	ccaacgactc	1680
caggtcgccc	gagcagtact	gcagggagac	cgtcatgacc	atctggact	accacggcgg	1740
ctgccatgtc	ggcgccgtcg	tcgacgacga	ttaccgggtg	tttggggtaa	gggggctcag	1800
ggtcatcgac	agctccacct	tcaggtactc	ccccggcacc	aacccgcagg	ccaccgtcat	1860
gatgctcggc	aggtaaaactc	gtcgaagtct	gaaatgatta	gttgtgttga	tctgaatgac	1920
ctttagtaaa	aacactagtg	ttctgaatct	gcacaggtat	atgggagtga	agattcaggc	1980
cgagagatgg	aggaagtgtat					2000

5

<210> 22
<211> 1752
<212> ADN
<213> *Brachypodium distachyon*
<400> 22

ES 2 913 136 T3

atggcacttt	gccgcgcgat	ctcgccggcg	ctggtgctcg	ccgcgcgcgt	cttactcgac	60
tcgctctgcc	ccgtcgccact	ctcgaggac	gagcgactgg	agaacctgcg	gttcgtgcag	120
cacgcacatcg	acgcgcgcgt	ggtgtcgac	tcaactaca	tcatcggtgg	cgggggcacg	180
tcgggtgccc	cgctggcgcc	gacgctgtcg	gagcactcgc	gggtgctcct	cctggagcgg	240
ggcgggctgc	cgcacgccaa	catgtcgagc	caggagcact	tcacggacgc	gctggcgac	300
acgtccccgg	cgtccccggc	gcagcggttc	gtttcggaaag	acgggggtgg	gaacgcccgc	360
gccaggggtgc	ttggcggagg	gagctgcctc	aacgcgggct	tctacacgcg	cggcagcaac	420
gagtacggtgc	gcaccgcgg	gtgggacccc	aggctggtga	actcgctcta	cgcgtgggtg	480
gagcgcgccgc	tcgtgttccg	gccaggcggt	ccgcgcgtggc	aggcggctct	gcgggacgcg	540
ctgctcgagg	ccggcgtcac	gccggataac	ggcttcacgt	ttgatcatgt	cacggggacc	600
aagatcgggg	gcaccatctt	cgacggcaac	ggccagcggc	acacggccgc	cgacttccta	660
cggcacgcaca	gccccagggg	cctcaccgtc	gtgctctacg	ccaccgtgtc	acggatcctc	720
ttcagaagcc	aagagggcgt	tccgtacccg	gtggcgtacg	gggtgggttt	cggggacccg	780
ctgggggtgc	agcaccgggt	gtacccctcg	gacggggcca	agaacgaggt	gatcctggcg	840
gccgggacgc	tggggagccc	gcagctgctg	atgctgagcg	gcgtggggcc	gcaggcgcac	900
ctggaggccc	acggcatcca	ggccctggtc	gaccagccca	tggtcgggca	ggcgctcgcc	960
gacaacccca	tgaactcggt	gttcatcccg	tgcgggtgc	ccgtgggcct	ctccctggtg	1020
caggtcgctg	gcatcaccaa	gtccggcagc	ttcatcgagg	gcgtcagcgg	ctcgagttc	1080
ggcatcccg	tctccgacag	cgcccgccgc	ctgcggccca	gcttcggcct	cttctctcct	1140
cagaccgggc	agctcgac	gctgccgccc	aagcagagga	cgcccgaggc	gctgcagcgc	1200
gcggcggacg	ccatcgccgc	gctcgaccgg	cgcgcgttcc	ggggcggctt	catcctggag	1260
aagatcctcg	gccccgtctc	cacggggcac	gtcgagctcc	ggaccacgga	cccgagggcc	1320
aacccggcgg	tgctgttcaa	ctacttccag	gaggcggagg	acctggagcg	gtcggtcg	1380
gggatccaga	cgatcgagcg	tgtgatcgcg	tgcgtgcct	tttcaactt	cacctactcc	1440
aacgcctccg	tggagtccat	ttcagcgcac	tccgcgaact	tccctgtaa	cctgctgccc	1500
cggcacgcaca	acgactccag	gtcgcccgag	cagtactgca	gggagaccgt	catgaccatc	1560
tggcaactacc	acggcggctg	ccatgtcgcc	gccgtcgctg	acgacgatta	ccgggtgttt	1620
ggggtaaggg	ggctcagggt	catcgacagc	tccaccttca	ggtactcccc	cggcaccaac	1680
ccgcaggcaca	ccgtcatgtat	gctcggcagg	tatatggag	tgaagattca	ggccgagaga	1740
tggaggaagt	ga					1752

<210> 23

<211> 583

<212> PRT

ES 2 913 136 T3

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 23

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

Val Leu Leu Gly Ser Leu Cys Pro Val Ala Leu Ser Glu Asp Glu Arg
20 25 30

Leu Glu Asn Leu Arg Phe Val Gln His Ala Ser Asp Ala Pro Leu Val
35 40 45

ES 2 913 136 T3

Ser His Phe Asn Tyr Ile Ile Val Gly Gly Thr Ser Gly Cys Pro
50 55 60

Leu Ala Ala Thr Leu Ser Glu His Ser Arg Val Leu Leu Leu Glu Arg
65 70 75 80

Gly Gly Leu Pro His Ala Asn Met Ser Ser Gln Glu His Phe Thr Asp
85 90 95

Ala Leu Ala Asp Thr Ser Pro Ala Ser Pro Ala Gln Arg Phe Val Ser
100 105 110

Glu Asp Gly Val Val Asn Ala Arg Ala Arg Val Leu Gly Gly Ser
115 120 125

Cys Leu Asn Ala Gly Phe Tyr Thr Arg Ala Ser Asn Glu Tyr Val Arg
130 135 140

Thr Ala Gly Trp Asp Pro Arg Leu Val Asn Ser Ser Tyr Arg Trp Val
145 150 155 160

Glu Arg Ala Leu Val Phe Arg Pro Gly Val Pro Pro Trp Gln Ala Ala
165 170 175

Leu Arg Asp Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val Thr Pro Asp Asn Gly Phe
180 185 190

Thr Phe Asp His Val Thr Gly Thr Lys Ile Gly Gly Thr Ile Phe Asp
195 200 205

Gly Asn Gly Gln Arg His Thr Ala Ala Asp Phe Leu Arg His Ala Arg
210 215 220

Pro Arg Gly Leu Thr Val Val Leu Tyr Ala Thr Val Ser Arg Ile Leu
225 230 235 240

Phe Arg Ser Gln Glu Gly Val Pro Tyr Pro Val Ala Tyr Gly Val Val
245 250 255

Phe Gly Asp Pro Leu Gly Val Gln His Arg Val Tyr Leu Arg Asp Gly
260 265 270

Ala Lys Asn Glu Val Ile Leu Ala Ala Gly Thr Leu Gly Ser Pro Gln
275 280 285

Leu Leu Met Leu Ser Gly Val Gly Pro Gln Ala His Leu Glu Ala His
290 295 300

ES 2 913 136 T3

Gly Ile Gln Ala Leu Val Asp Gln Pro Met Val Gly Gln Gly Val Ala
305 310 315 320

Asp Asn Pro Met Asn Ser Val Phe Ile Pro Ser Pro Val Pro Val Gly
325 330 335

Leu Ser Leu Val Gln Val Val Gly Ile Thr Lys Ser Gly Ser Phe Ile
340 345 350

Glu Gly Val Ser Gly Ser Glu Phe Gly Ile Pro Val Ser Asp Ser Ala
355 360 365

Arg Arg Leu Ala Ala Ser Phe Gly Leu Phe Ser Pro Gln Thr Gly Gln
370 375 380

Leu Gly Thr Leu Pro Pro Lys Gln Arg Thr Pro Glu Ala Leu Gln Arg
385 390 395 400

Ala Ala Asp Ala Met Arg Arg Leu Asp Arg Arg Ala Phe Arg Gly Gly
405 410 415

Phe Ile Leu Glu Lys Ile Leu Gly Pro Val Ser Thr Gly His Val Glu
420 425 430

Leu Arg Thr Thr Asp Pro Arg Ala Asn Pro Ala Val Leu Phe Asn Tyr
435 440 445

Phe Gln Glu Ala Glu Asp Leu Glu Arg Cys Val Arg Gly Ile Gln Thr
450 455 460

Ile Glu Arg Val Ile Ala Ser Arg Ala Phe Ser Asn Phe Thr Tyr Ser
465 470 475 480

Asn Ala Ser Val Glu Ser Ile Phe Ser Asp Ser Ala Asn Phe Pro Val
485 490 495

Asn Leu Leu Pro Arg His Ala Asn Asp Ser Arg Ser Pro Glu Gln Tyr
500 505 510

Cys Arg Glu Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr His Gly Gly Cys His
515 520 525

Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asp Tyr Arg Val Phe Gly Val Arg Gly
530 535 540

Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Arg Tyr Ser Pro Gly Thr Asn

ES 2 913 136 T3

545

550

555

560

Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr Met Gly Val Lys Ile
 565 570 575

Gln Ala Glu Arg Trp Arg Lys
 580

<210> 24

<211> 678

5 <212> ADN

<213> artificial

<400> 24

atggcctcct ccgagaacgt gatcaccgag ttcatgcgt tcaaggtgcg catggaggc	60
accgtgaacg gccacgagtt cgagatcgag ggcgagggcg agggccgccc ctacgaggc	120
cacaacacccg tgaagctgaa ggtgaccaag ggccggccccc tgcccttcgc ctgggacatc	180
ctgtcccccc agttccagta cggctccaag gtgtacgtga agcaccccgc cgacatcccc	240
gactacaaga agctgtcatt ccccgagggc ttcaagtggg agcgcgtgat gaacttcgag	300
gacggcggcg tggccaccgt gaccaggac tcctccctgc aggacggctg cttcatctac	360
aaggtgaagt tcataggcgt gaacttcccc tccgacggcc ccgtgatgca gaagaagacc	420
atgggctggg aggcctccac cgagcgcctg taccggcccg acggcgtgct gaagggcgg	480
acccacaagg ccctgaagct gaaggacggc ggccactacc tggtgagtt caagtccatc	540
tacatggcca agaagcccggt gcagctgccc ggctactact acgtggacgc caagctggac	600
atcacctccc acaacgagga ctacaccatc gtggagcagt acgagcgcac cgagggccgc	660
caccacctgt tcctgttag	678

10

<210> 25

<211> 812

<212> ADN

15 <213> *Hordeum vulgare*

<400> 25

ES 2 913 136 T3

	aaccgtctct tcgtgagaat aaccgtggcc taaaaataag ccgatgagga taaataaaat	60
	gtgggtgtac agtacttcaa gaggttact catcaagagg atgctttcc gatgagctct	120
	agtagtacat cgAACCTCAC atacctccat tgtggtaaa tattttgtgc tcatttagtg	180
	atgggtaaat tttgttatg tcactctagg tttgacatt tcagtttgc cactcttagg	240
	tttgacaaa taatttccat tcccgccaa aagcaaaaca attttatTTT acttttacca	300
	ctcttagctt tcacaatgta tcacaaatgc cactctagaa attctgttta tgccacagaa	360
	tgtaaaaaaa aacactcact tatttgaagc caaggttttc atggcatgga aatgtgacat	420
	aaagtaacgt tcgtgtataa gaaaaaattt tactcctcgt aacaagagac ggaaacatca	480
	 tgagacaatc gcgtttggaa ggctttgcac caccttggaa tgatgcgcac gaatggagtc	540
	gtctgcttgc tagccttcgc ctaccgccc ctgagtccgg gcggcaacta ccattcggcga	600
	acgaccgcac tgacctctac cgaccggact tgaatgcgcct accttcgtca gcgacgatgg	660
	ccgcgtacgc tggcgacgtg ccccccgtatg catggcgccaa catggcgagc tcagaccgtg	720
	cgtggctggc tacaaatacg tacccgtga gtgccttagc tagaaactta cacctgcaac	780
	tgcgagagcg agcgtgtgag tgtagccgag ta	812
5	<210> 26	
	<211> 349	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
	<400> 26	
	 ttcgaacgcg taggtaccac atggtaacc tagacttgc catcttctgg attggccaac	60
	ttaattaatg tatgaaataa aaggatgcac acatagtgcac atgctaattca ctataatgtg	120
	ggcatcaaaag ttgtgtgtta tgtgtatca ctagttatct gaataaaaga gaaagagatc	180
	atccatattt cttatcctaa atgaatgtca cgtgtcttta taattcttg atgaaccaga	240
	tgcatttcat taaccaaatac catatacata taaatattaa tcatatataa ttaatatcaa	300
	ttgggttagc aaaacaaatac tagtctaggt gtgtttgcg aatgcggcc	349
10	<210> 27	
	<211> 2023	
	<212> ADN	
	<213> <i>Oryza sativa indica</i>	
	<400> 27	

ES 2 913 136 T3

atggcagcac ttggccgcgc gagctcgctg ggcgcgggtgc ttgcgcgcgc cgccgcgc	60
gcacgtgctcc tctcgctctg cctcgccgcg ctctcggaag agcaagggtgc gtaaacgttg	120
cgttgtatct ttgcgttgat gcgtgttgcg tcgtcgctgt gttcatggcg tgcgatggcg	180
ttgtgcagag caactggaga acctcggtt cgtgcggcac ggcgcaggacg cgccgctggt	240
gtcgagctac aactacatcg tcatcgccgg cggcacggcg gggtgccccgc tggcgccgac	300
gctgtcggag cactcgccgcg tgctgctgct ggagcgcggc ggcctgcccgt acgccaacat	360
gtcgagcgag cagcacttca cggacgcgct ggccgacacg tcgccggcgt cgccggcgca	420
gcgggttcatc tcggaggacg gcgtggtgaa cgcggggcg cgggtgctcg gcggcgggag	480
ctgcctcaac gccgggttct acacgcgggc gagcaacgag tacgtgcgcg ccgcgggtg	540
ggacgcgcgg ctggtaact cgtcgtaaccg gtgggtggag cgctcgctgg tggccgcggcc	600
cgacgtgcgg ccgtggcagg cggcgctccg cgacgcgcgt ctcgagggtcg ggcgcacgac	660
cgacaacggc ttcaccttcg accacgtcac cggcaccaag atcggcgccca ccatcttcga	720

ES 2 913 136 T3

caactccggc cagcgccaca ccgcccggc cttcctccgc cacccccggc cccgcggcct	780
caccgtcctc ctctacgcca ccgtctcccg tattcctcttc aaaagccaag gtacacagct	840
acgatgaaaa tggaaaatgt gctgtgcgcc gaagaagctt gacctcacga cggcgagctt	900
ttgcacatggc gtgcagacgg ggtgccgtac ccgggtggcgt acggggtggt gttctcgac	960
ccgctggggg tgcagcacccg ggtgtacctc cgccgacggcg acaagaacga ggtgatcgtg	1020
tccggcgggg cgcgtggggag ccccgagctg ctgatgctga gcggcgctgg gccgcaggcg	1080
cacctggagg cgacggcat cgaggtgatc gtggaccaac ccatggctgg gcaggcgctc	1140
gccgacaacc cgatgaactc ggtgttcatc ccgtcgccgg tgccggtgga gctctccctg	1200
gtgcaggtcg tcggcatcac ccgcgtccggc agcttcatcg agggggtgag cgggtcgag	1260
ttcggcatgc cggtgtcgga cggcgcgctc cgggtggcgcc gcagcttcgg gatgctgtcg	1320
ccgcagacgg ggcagctcg caccgtcgccg ccgaagcaga ggacgcccgg ggcgctgcag	1380
cggcgccgg aggcgatgat gcggctggac aggagggcgt tccggggagg cttcatcctg	1440
gagaagatcc tcggggccgtt gtcctccggc cacgtcgagc tgcaaccac cgaccggagg	1500
gcgaaccctt cgggtacgtt caactacttc cgcgaggcg aggatctgga gcgggtgcgtc	1560
catggcatcg agacgatcga gcgggtgatc cagtcgccccg ctttctccaa cttcacctac	1620
gcgaaccctt cgggtacgtt catttcacc gattccggca acttccccgt caacctgctg	1680
ccgcgcctt cgggtacgtt cgggtacgtt gagcagtact gcatggacac cgtcatgacc	1740
atctggcaact accacggcg cttccatgtc ggcggcgctcg tcgacgacga ttaccgggtg	1800
ttcgggggtgc aggggctcaag ggtgatcgac agtccaccc tcaagtactc ccccgccacc	1860
aaccctcagg ccaccgtcat gatgctcgcc aggttaactgg catcattttt gctcatgaaa	1920
gtgcattgcc atgagtaaca acacactaac agtatagttt tcaatatggc cactggcgag	1980
gtatatgggt gtgaagattc agtccgagag atggaagaaa tga	2023

5
<210> 28
<211> 497
<212> ADN
<213> *Oryza sativa indica*
<400> 28

ES 2 913 136 T3

tgaacaaaag ataatttcgt ttcaggagca aaaaaatgca tgtaattcaa ggaaaagaaa	60
atgttcaact gtcttagag ttttagatgt attttatttg cacccactta atttttactc	120
ttctctagac ataggttcag tatctgcttg ttgattatgt aaccttgaag aagcattgca	180
aaaacaaaagc ggaaacttat gttaccaagg gcatgacgaa gaaataaatg gattagattt	240
cattgacact tagaaaaatgg aaccagcaaa tcaaggctga aaataattac actagaaaact	300
tatTTTaatg gctttacatg tcgctacata cttaaatcaa tcaaagttgc taccaaagcc	360
atgtcccta aacagagggt tccgggctct caaacattct taatcttcta tacattgata	420
aaaagtatac ataaaaagaa aacctattaa gatggaaatg ttgaattctc ttaagaaagg	480
cataaaaaat gcagggt	497

5

<210> 29
<211> 1488
<212> ADN
<213> *Zea mays*

<400> 29

ES 2 913 136 T3

atggcggcga	aatggcagt	gacgacgatg	gtgacgagga	gcaaggagag	ctggtcgtca	60
ttgcaggtcc	cggcggtggc	attcccttgg	aagccacgag	gtggcaagac	cggcgccctc	120
gagttccctc	gccgggcgat	gttcgccagc	gtcggcctca	acgtgtgccc	ggcggtcccg	180
gcggggcgcg	acccgcggga	gccccatccc	aaggtcgtcc	gggcggcctg	cggcctggtc	240
caggcacaag	tcctttcca	gggtttaac	tgggagtcgt	gcaagcagca	gggaggctgg	300
tacaacaggc	tcaaggccca	ggtcgacgac	atcgccaagg	ccggcgac	gcacgtctgg	360
ctgcctccac	cctcgactc	cgtctcgcca	caaggctaca	tgccaggccg	cctatacgac	420
ctggacgcgt	ccaagtacgg	cacggcgcg	gagctcaagt	ccctgatagc	ggcggtccac	480
ggcagggcg	tgcagtgcgt	ggcgacatc	gtcatcaacc	accggtgccg	ggaaaagaag	540
gacgcgcgcg	gcgtgtactg	catctcgag	ggcgggactc	ccgacgaccg	cctggactgg	600
ggccccggga	tgcgtgcag	cgacgacacg	cagtaactcgg	acgggacggg	gcaccgcgac	660
acgggcgagg	ggttcgccgc	ggcgcccgac	atcgaccacc	tcaacccgcg	cgtgcagcgg	720
gagctctccg	cctggctcaa	ctggctcagg	tccgacgccc	tggggttcga	cggctggcgc	780
ctcgacttcg	ccaagggcta	ctcgccggcc	gtcgccagaa	tgtacgtgga	gagcacgggg	840
ccgcccggct	tcgtcgctgc	ggagatatgg	aactcgctga	gctacagcgg	ggacggcaag	900
ccggcgccca	accaggacca	gtgccggcag	gagctgctgg	actggacgcg	ggccgtcgcc	960
gggcccggca	tggcggtcga	cttccccacc	aagggcctgc	tgcaggcggg	cgtgcagggg	1020
gagctgtggc	ggctgcgcga	cagctccggc	aacgcggccg	gcctgatcgg	gtggcgcggc	1080
gagaaggccg	tcaccttcgt	cgacaaccat	gacaccgggt	cgacgcagaa	gctctggccg	1140
ttccccatccg	acaaggtcat	gcagggctac	gcctacatcc	tcacccatcc	aggagtcccc	1200
tgcattttct	acgaccacat	gttcgactgg	aacctgaagc	aggagatatac	cacgctgtct	1260
gccatcaggg	cgcggAACGG	catccgcgcc	gggagcaagc	tgcggatcct	cgtggcggac	1320
gcggacgcgt	acgtggccgt	cgtcgacgag	aaggtcatgg	tgaagatcgg	gacaaggtac	1380
ggcgtgagca	gcgtggtccc	gtcggatttc	cacccggcgg	cgcacggcaa	ggactactgc	1440
gtctgggaga	aagcgagcct	ccgcgtcccg	ggggggcgcc	acctctag		1488

<210> 30

<211> 2737

<212> ADN

<213> Zea mays

<400> 30

ES 2 913 136 T3

tgcacccggac actgtctggt ggcataaccag acagtccgggt gtgccagatc agggcaccc	60
tcggttcctt tgctcctttg ctttgaacc ctaactttga tcgtttattt gtttgtttg	120
aacctttatg cacctgtgga atatataatc tagaacaacaaac tagttagtcc aatcattttgt	180
gttggcatt caaccaccaa aattattttt agaaaaagggt taaaccttat ttccctttca	240
atctccccct ttttggtgat tgatgccaac acaaaccaaa gaaaatatat aagtgcagaa	300
ttgaactagt ttgcataagg taagtgcata ggttacttag aattaaatca atttatactt	360
ttacttgata tgcatggttg ctttcttttta tttaacatt ttggaccaca ttgcaccac	420
ttgtttgtt ttttgc当地 ctttttggaa attcttttc aaagtctttt gcaaataagtc	480
aaaggatata gaataagatt gtaagaagca ttttcaagat ttgaaatttc tccccctgtt	540
tcaaattgctt ttcccttgac taaacaaaac tccccctgaa taaaattctc ctcttagctt	600
tcaagagggt tttaaataga tatcaattgg aaatatattt agatgctaat ttgaaaata	660
taccaattga aaatcaacat accaatttga aattaaacat accaatttaa aaaatttcaa	720
aaagtggtgg tgcggtcctt ttgctttggg cttaatattt ctccccctt ggcattaatc	780
gccaaaaacg gagactttgt gagccattta tactttctcc ccattggtaa atgaaatatg	840
agtgaaagat tataccaaat ttggacagtg atgcggagtg acggcgaagg ataaacgata	900
ccgttagagt ggagtggaaag ccttgccttc gccgaagact ccattccct ttcaatctac	960
gacttagcat agaaatacac ttgaaaacac attagtcgta gccacgaaag agatatgatc	1020
aaaggatatac aaatgagcta tgtgtgtaat gtttcaatca aagttcgag aatcaagaat	1080
attagctca ttccctaaatgt tgctaaagggt ttatcatct aatggtttgg taaagatatac	1140
gactaattgt tctttggtgc taacataagc aatctcgata tcacccctt gttggtgatc	1200
cctaaaaag tgataccgaa tgtctatgtg cttagtgccg ctgtgtcaa cgggattatc	1260
cgcctgcag atagcactct cattgtcaca taggagaggg actttgctca attttagcc	1320
atagcccta agttttgcc tcatccaaag taattgcaca caacaatgtc ctgcggcaat	1380
atactggct tcggcggtag aaagagctat tgagtttgc ttctttgaag tccaagacac	1440
caggatctc cctagaaact gacaagtccc tgatgtgctc ttccctatcaa ttttacaccc	1500
tgcctaatcg gcatctgaat atcctattaa atcaaagggt gatcccttgg ggtacccaaag	1560
accaaattta ggagtgtaaa ctaaatatct catgattctt ttacggccc taaggtgaac	1620
ttccttagga tcggcttggaa atcttgacata catgcata gaaagcatac tatctggcgt	1680

ES 2 913 136 T3

	agatgcacat aaatagagta aagatcctat catcgaccgg tatacccttt ggtctacgga	1740
	tttacctccc gtgtcgaggt cgagatgccc attagttccc atgggtgtcc tgatgggctt	1800
	ggcatccttc attccaaact tggtagtat gtcttgaatg tactttgttt ggctgatgaa	1860
	ggtgccatct tggagttgct tgacttgaaa tcctagaaaa tatttcaact tccccatcat	1920
	agacatctcg aatttcggaa tcatgatcct actaaactct tcacaagtag atttggtagt	1980
	agacccaaat ataatatcat caacataaaat ttggcataca aacaaaactt ttgaaatggt	2040
	tttagtaaag agagtaggat cggcttact gactctgaag ccattagtga taagaaaatc	2100
	tcttaggcattcataccatg ctgttgggc ttgcttgcgc ccataaagcg cctttgagag	2160
	tttataaaca tggtagggactcactatc ttcaaagccg agagggtgct caacatagac	2220
	ctattcaccc catttgcata ctttttgggt ctttcaggat ctaatagtta tgtataattt	2280
	agagtccttttgcataatggc cagatatttc taattaatct aagaattttt gatattttt	2340
	aattttttat catgtctgat gagaattaac ataaaggctc aattgggtcc tgaattaata	2400
	atagagtgaa aattaatcca gaggctctat tagaaccttc aatttagtaat accaagatat	2460
	atataagata gtagagtata gtttaaatgt tggcattgtt cattcttct tttgttattt	2520
	aattttatgct ttccacgggtt gtttagtggtt acttctgaag ggtccaaata atgcatgaag	2580
	agtttgagga caagaagtct gccctaaaaa tagcgatgca aaggcatggt gtccaaagcca	2640
	tacatatagc gcactaattt tatcagcaga acaatggat ttataggtcc tagtgcacag	2700
	gcaacaagag acacgaataa agcatcgatc acgacac	2737
5	<210> 31 <211> 225 <212> ADN <213> Zea mays	
	<400> 31	
	atggcggcga caatggcagt gacgacgatg gtgacgagga gcaaggagag ctggtcgtca	60
	ttgcagggtcc cggcggtggc attcccttgg aagccacgag gtggcaagac cggcggcctc	120
	gagttccctc gccgggcgat gttcgccagc gtcggcctca acgtgtgccg gggcggtcccg	180
	gcggggcgcg acccgcgaaa gcccgcgtccc aaggtcgatcc gggcg	225
10	<210> 32 <211> 348 <212> ADN <213> Zea mays	
	<400> 32	

ES 2 913 136 T3

	gatctgacaa agcagcatta gtccgttgat cggtggaaaga ccactcgta gtgttgagtt	60
	gaatgttga tcaataaaaat acggcaatgc tctaagggtt gtttttatg ccattgataa	120
	tacactgtac tgttcagttt ttgaactcta tttcttagcc atgccaagtg ctttcttat	180
	tttgaataac attacagcaa aaagttgaaa gacaaaaaaaaaaa aaaacccccg aacagagtgc	240
	tttgggtccc aagctacttt agactgtgtt cggcggtccc cctaaatttc tccccctata	300
	tctcaactcac ttgtcacatc agcgttctct ttccccctata tctccacg	348
	<210> 33	
5	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<400> 33	
10	gcctcaccgt cctcctctac 20	
	<210> 34	
	<211> 18	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
15	<400> 34	
	cgggtccgag aacaccac 18	
	<210> 35	
20	<211> 20	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<400> 35	
25	gctatgtacg tcgccatcca 20	
	<210> 36	
	<211> 21	
	<212> ADN	
30	<213> artificial	
	<400> 36	
	ggacagtgt gctgacacca t 21	
	<210> 37	
35	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<400> 37	
40	ggatccggat ttcgaggatc aagct 25	
	<210> 38	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> artificial	
	<400> 38	
45	gtcgacttc gccgggcaaa ttgc 25	
	<210> 39	
	<211> 27	
	<212> ADN	
50		

ES 2 913 136 T3

<213> artificial
<400> 39
5 gtttaaacgg atttcgagga tcaagct 27

<210> 40
<211> 25
<212> ADN
10 <213> artificial

<400> 40
ggatccaccc tgcattttt atgcc 25

15 <210> 41
<211> 16
<212> ADN
<213> artificial
20 <400> 41
gcgtcgccga caaccc 16

25 <210> 42
<211> 17
<212> ADN
<213> artificial

30 <400> 42
tggagaaggc ccgcgac 17

REIVINDICACIONES

1. Un ADN, que tiene una función de conducir a esterilidad masculina en arroz, caracterizado por que el ADN tiene una secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 7.
5
2. EL ADN de la reivindicación 1, caracterizado por que el ADN codifica una secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 8.
3. Un casete de expresión, caracterizado por que comprende el ADN de la reivindicación 1 o 2.
10
4. Un vector de expresión, caracterizado por que comprende el casete de expresión de la reivindicación 3.
5. Una bacteria genomanipulada, caracterizada por que comprende el vector de expresión de la reivindicación 4.
15
6. Uso de un gen para obtener esterilidad de mutantes masculinos en arroz por transformación, caracterizado por que el gen comprende una secuencia de nucleótidos como se define en la reivindicación 1.
7. El uso de la reivindicación 6, en donde el ADN codifica una secuencia de aminoácidos como se define en la reivindicación 2.
20
8. Un método para recuperar la fertilidad en material estéril masculino de arroz que tiene el ADN de la reivindicación 1 o 2 introduciendo el ADN de la SEQ ID NO: 1, 5 o 27 en el material estéril masculino de arroz mediante transformación.

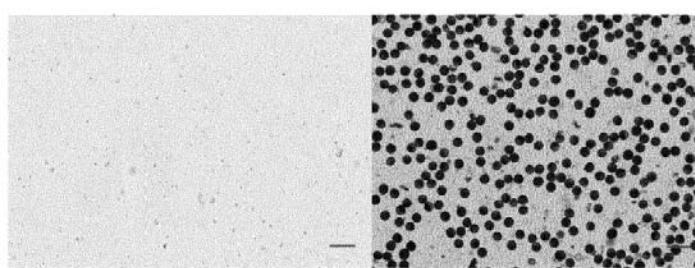
ES 2913 136 T3



Fig. 1



Fig.2



Mutante

Tipo silvestre

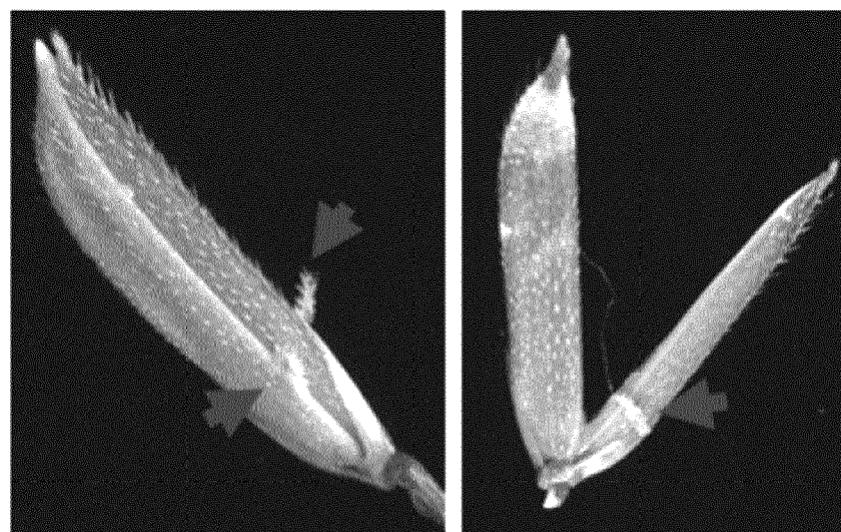
Fig.3



Mutante

Tipo silvestre

Fig.4



Estigmas expuestos dobles

Estigma expuesto único

Fig.5

ES 2 913 136 T3

	*	20	*	40	*	60
HHZ	:	ATGGCAGCACCTGGCCGCGAGCTCGTCGGGCCGGTGCTTGCCTGCCGCCGCCGCCGCC	:	60		
Mutante	:	ATGGCAGCACCTGGCCGCGAGCTCGTCGGGCCGGTGCTTGCCTGCCGCCGCCGCCGCC	:	60		
Nip	:	ATGGCAGCACCTGGCCGCGAGCTCGTCGGGCCGGTGCTTGCCTGCCGCCGCCGCC	:	55		
		ATGGCAGCACCTGGCCGCGAGCTCGTCGGGCCGGTGCTTGCCTGCCGCCGCCGCC				
	*	80	*	100	*	120
HHZ	:	GCCGTGCTCCTCTCGCTCTGCCCGCGCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC	:	120		
Mutante	:	GCCGTGCTCCTCTCGCTCTGCCCGCGCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC	:	120		
Nip	:	-CCGTGCTCCTCTCGCTCTGCCCGCGCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC	:	114		
	gCCGTGCTCCTCTCGCTCTGCCCGCGCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC					
	*	140	*	160	*	180
HHZ	:	CTGCGGTTCGTGCACGGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGAGCTACAACATACATCGTC	:	180		
Mutante	:	CTGCGGTTCGTGCACGGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGAGCTACAACATACATCGTC	:	180		
Nip	:	CTGCGGTTCGTGCACGGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGAGCTACAACATACATCGTC	:	174		
	CTGCGGTTCGTGCACGGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGAGCTACAACATACATCGTC					
	*	200	*	220	*	240
HHZ	:	ATCGGGCGGGCACGGGGGGTGCCTGGCGAGCGCTGCGGAGCACTCGCGCGTG	:	240		
Mutante	:	ATCGGGCGGGCACGGGGGGTGCCTGGCGAGCGCTGCGGAGCACTCGCGCGTG	:	240		
Nip	:	ATCGGGCGGGCACGGGGGGTGCCTGGCGAGCGCTGCGGAGCACTCGCGCGTG	:	234		
	ATCGGGCGGGCACGGGGGGTGCCTGGCGAGCGCTGCGGAGCACTCGCGCGTG					
	*	260	*	280	*	300
HHZ	:	CTGCTGCTGGAGCGCCGCGCTGGCTACGCCAACATGTCGAGCGAGCACTTCACG	:	300		
Mutante	:	CTGCTGCTGGAGCGCCGCGCTGGCTACGCCAACATGTCGAGCGAGCACTTCACG	:	300		
Nip	:	CTGCTGCTGGAGCGCCGCGCTGGCTACGCCAACATGTCGAGCGAGCACTTCACG	:	294		
	CTGCTGCTGGAGCGCCGCGCTGGCTACGCCAACATGTCGAGCGAGCACTTCACG					
	*	320	*	340	*	360
HHZ	:	GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGGCGTCGCCGGCGCAGCGGTTCATCTGGAGGACGG	:	360		
Mutante	:	GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGGCGTCGCCGGCGCAGCGGTTCATCTGGAGGACGG	:	360		
Nip	:	GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGGCGTCGCCGGCGCAGCGGTTCATCTGGAGGACGG	:	354		
	GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGGCGTCGCCGGCGCAGCGGTTCATCTGGAGGACGG					
	*	380	*	400	*	420
HHZ	:	GTGGTGAACGCCGGCGCGGGTGCTCGCGGGAGCTGCCAACGCCGGGTTCTAC	:	420		
Mutante	:	GTGGTGAACGCCGGCGCGGGTGCTCGCGGGAGCTGCCAACGCCGGGTTCTAC	:	420		
Nip	:	GTGGTGAACGCCGGCGCGGGTGCTCGCGGGAGCTGCCAACGCCGGGTTCTAC	:	414		
	GTGGTGAACGCCGGCGCGGGTGCTCGCGGGAGCTGCCAACGCCGGGTTCTAC					
	*	440	*	460	*	480
HHZ	:	ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCCGCCGGGGTGGGACGCGCGCTGGTGAACCTCG	:	480		
Mutante	:	ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCCGCCGGGGTGGGACGCGCGCTGGTGAACCTCG	:	480		
Nip	:	ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCCGCCGGGGTGGGACGCGCGCTGGTGAACCTCG	:	474		
	ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCCGCCGGGGTGGGACGCGCGCTGGTGAACCTCG					
	*	500	*	520	*	540
HHZ	:	TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCGACGTGCCCGCTGGCAGCG	:	540		
Mutante	:	TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCGACGTGCCCGCTGGCAGCG	:	540		
Nip	:	TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCGACGTGCCCGCTGGCAGCG	:	534		
	TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCGACGTGCCCGCTGGCAGCG					
	*	560	*	580	*	600
HHZ	:	GCGCTCCCGCAGCGCGCTCGAGGTGGCGTACGCCGACAACGGCTCACCTTCGAC	:	600		
Mutante	:	GCGCTCCCGCAGCGCGCTCGAGGTGGCGTACGCCGACAACGGCTCACCTTCGAC	:	600		
Nip	:	GCGCTCCCGCAGCGCGCTCGAGGTGGCGTACGCCGACAACGGCTCACCTTCGAC	:	594		
	GCGCTCCCGCAGCGCGCTCGAGGTGGCGTACGCCGACAACGGCTCACCTTCGAC					
	*	620	*	640	*	660
HHZ	:	CACGTACCGGCACCAAGATCGGGGGCACCATTCGACAACTCCGGCACGCCACACC	:	660		
Mutante	:	CACGTACCGGCACCAAGATCGGGGGCACCATTCGACAACTCCGGCACGCCACACC	:	660		
Nip	:	CACGTACCGGCACCAAGATCGGGGGCACCATTCGACAACTCCGGCACGCCACACC	:	654		
	CACGTACCGGCACCAAGATCGGGGGCACCATTCGACAACTCCGGCACGCCACACC					

ES 2 913 136 T3

	* 680 * 700 * 720	
HHZ :	GCCGCCGACTTCCTCCGCACGCCCGCCCCCGCGGCCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC	: 720
Mutante :	GCCGCCGACTTCCTCCGCACGCCCGCCCCCGCGGCCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC	: 720
Nip :	GCCGCCGACTTCCTCCGCACGCCCGCCCCCGCGGCCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC GCCGCCGACTTCCTCCGCACGCCCGCCCCCGCGGCCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC	: 714
	* 740 * 760 * 780	
HHZ :	GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG	: 780
Mutante :	GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG	: 780
Nip :	GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG	: 774
	* 800 * 820 * 840	
HHZ :	GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAACGGGGTGTACCTCCGCACGGCGACAAGAAC	: 840
Mutante :	GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAACGGGGTGTACCTCCGCACGGCGACAAGAAC	: 840
Nip :	GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAACGGGGTGTACCTCCGCACGGCGACAAGAAC GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAACGGGGTGTACCTCCGCACGGCGACAAGAAC	: 834
	* 860 * 880 * 900	
HHZ :	GAGGTGATCGTGTGGCGGGGACGCTGGGGAGGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGGCGTC	: 900
Mutante :	GAGGTGATCGTGTGGCGGGGACGCTGGGGAGGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGGCGTC	: 900
Nip :	GAGGTGATCGTGTGGCGGGGACGCTGGGGAGGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGGCGTC GAGGTGATCGTGTGGCGGGGACGCTGGGGAGGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGGCGTC	: 894
	* 920 * 940 * 960	
HHZ :	GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC	: 960
Mutante :	GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC	: 960
Nip :	GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC	: 954
	* 980 * 1000 * 1020	
HHZ :	GGCAGGGCGTCGGCGACAACCCGATGAACCTCGGTGTTCATCCGTGCCGGTGCCGGTG	: 1020
Mutante :	GGCAGGGCGTCGGCGACAACCCGATGAACCTCGGTGTTCATCCGTGCCGGTGCCGGTG	: 1020
Nip :	GGCAGGGCGTCGGCGACAACCCGATGAACCTCGGTGTTCATCCGTGCCGGTGCCGGTG GGCAGGGCGTCGGCGACAACCCGATGAACCTCGGTGTTCATCCGTGCCGGTGCCGGTG	: 1014
	* 1040 * 1060 * 1080	
HHZ :	GAGCTCTCCCTGGTGCAGTCGTCGGCATACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG	: 1080
Mutante :	GAGCTCTCCCTGGTGCAGTCGTCGGCATACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG	: 1080
Nip :	GAGCTCTCCCTGGTGCAGTCGTCGGCATACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG GAGCTCTCCCTGGTGCAGTCGTCGGCATACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG	: 1074
	* 1100 * 1120 * 1140	
HHZ :	AGCGGGTCGGAGGTTCGGCATGCCGGTGTGGACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1140
Mutante :	AGCGGGTCGGAGGTTCGGCATGCCGGTGTGGACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1140
Nip :	AGCGGGTCGGAGGTTCGGCATGCCGGTGTGGACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC AGCGGGTCGGAGGTTCGGCATGCCGGTGTGGACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1134
	* 1160 * 1180 * 1200	
HHZ :	GGGATGCTGTCGCCGCAGACGGGGCAGCTCGGCACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1200
Mutante :	GGGATGCTGTCGCCGCAGACGGGGCAGCTCGGCACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1200
Nip :	GGGATGCTGTCGCCGCAGACGGGGCAGCTCGGCACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC GGGATGCTGTCGCCGCAGACGGGGCAGCTCGGCACGGCGCGCTCCGGTGGCGCGCAGCTTC	: 1194
	* 1220 * 1240 * 1260	
HHZ :	GAGGCCTGAGCGGGCGGGAGGGCATGATGCGGCTGGACAGGAGGGCGTCCGGGGAA	: 1260
Mutante :	GAGGCCTGAGCGGGCGGGAGGGCATGATGCGGCTGGACAGGAGGGCGTCCGGGGAA	: 1260
Nip :	GAGGCCTGAGCGGGCGGGAGGGCATGATGCGGCTGGACAGGAGGGCGTCCGGGGAA GAGGCCTGAGCGGGCGGGAGGGCATGATGCGGCTGGACAGGAGGGCGTCCGGGGAA	: 1254
	* 1280 * 1300 * 1320	
HHZ :	GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACCC	: 1320
Mutante :	GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACCC	: 1320
Nip :	GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACCC GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACCC	: 1314

ES 2 913 136 T3

	* 1340 *	1360	*	1380	
HHZ	: ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTGGTACGTTCAACTACTTCGCGAGGCCGAGGATCTG				: 1380
Mutante	: ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTGGTACGTTCAACTACTTCGCGAGGCCGAGGATCTG				: 1380
Nip	: ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTGGTACGTTCAACTACTTCGCGAGGCCGAGGATCTG ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTGGTACGTTCAACTACTTCGCGAGGCCGAGGATCTG				: 1374
	* 1400 *	1420	*	1440	
HHZ	: GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCAGGGCCTCTCC				: 1440
Mutante	: GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCAGGGCCTCTCC				: 1440
Nip	: GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCAGGGCCTCTCC GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCAGGGCCTCTCC				: 1434
	* 1460 *	1480	*	1500	
HHZ	: AACATTCACCTACGCCAACGCCCTCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC				: 1500
Mutante	: AACATTCACCTACGCCAACGCCCTCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC				: 1500
Nip	: AACATTCACCTACGCCAACGCCCTCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC AACATTCACCTACGCCAACGCCCTCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC				: 1494
	* 1520 *	1540	*	1560	
HHZ	: GTCAACCTGCTGCCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC				: 1560
Mutante	: GTCAACCTGCTGCCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC				: 1560
Nip	: GTCAACCTGCTGCCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC GTCAACCTGCTGCCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC				: 1554
	* 1580 *	1600	*	1620	
HHZ	: ACCGTATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCCGCCTCGTCGACGAC				: 1620
Mutante	: ACCGTATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCCGCCTCGTCGACGAC				: 1620
Nip	: ACCGTATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCCGCCTCGTCGACGAC ACCGTATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCCGCCTCGTCGACGAC				: 1614
	* 1640 *	1660	*	1680	
HHZ	: GATTACCGGGTGTTCGGGGTGCAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC				: 1680
Mutante	: GATTACCGGGTGTTCGGGGTGCAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC				: 1680
Nip	: GATTACCGGGTGTTCGGGGTGCAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC GATTACCGGGTGTTCGGGGTGCAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC				: 1674
	* 1700 *	1720	*	1740	
HHZ	: TCCCCCGGCCACCAACCCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG				: 1740
Mutante	: TCCCCCGGCCACCAACCCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG				: 1740
Nip	: TCCCCCGGCCACCAACCCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG TCCCCCGGCCACCAACCCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG				: 1734
	* 1760				
HHZ	: ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1767				
Mutante	: ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1767				
Nip	: ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1761 ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA				

Fig.6

ES 2 913 136 T3

HHZ.seq	MAALGRASSSAFVLAAA AA AVLLSICLAALSEEQEQLENLRFVRHAQDAFLVSSYNYIV	60
Mutant.seq	MAALGRASSSAFVLAAA AA AVLLSICLAALSEEQEQLENLRFVRHAQDAFLVSSYNYIV	60
Nip.seq	MAALGRASSSAFVLAAA -- AVLLSICLAALSEEQEQLENLRFVRHAQDAFLVSSYNYIV	58
HHZ.seq	IGGGTAGCPLAATLSEHRSRVLLLERGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFISEDG	120
Mutant.seq	IGGGTAGCPLAATLSEHRSRVLLLERGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFISEDG	120
Nip.seq	IGGGTAGCPLAATLSEHRSRVLLLERGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFISEDG	118
HHZ.seq	VVNARARVILGGGSCLNAGFYTRASNEYVRA AG WDARLVNSSYRWVERSLSVFRPDVPPNQA	180
Mutant.seq	VVNARARVILGGGSCLNAGFYTRASNEYVRA AG WDARLVNSSYRWVERSLSVFRPDVPPNQA	180
Nip.seq	VVNARARVILGGGSCLNAGFYTRASNEYVRA S GWDARLVNSSYRWVERSLSVFRPDVPPNQA	178
HHZ.seq	ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTGKIGGTIFDNSGQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT	240
Mutant.seq	ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTGKIGGTIFDNSGQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT	240
Nip.seq	ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTGKIGGTIFDNSGQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT	238
HHZ.seq	VSRILFKSQDGVPYPVAYGVVFSDPLGVQHRVYL RDGDKNEVIVSAGTLGSPQLMLSGV	300
Mutant.seq	VSRILFKSQDGVPYPVAYGVVFSDPLGVQHRVYL RDGDKNEVIVSAGTLGSPQLMLSGV	300
Nip.seq	VSRILFKSQDGVPYPVAYGVVFSDPLGVQHRVYL RDGDKNEVIVSAGTLGSPQLMLSGV	298
HHZ.seq	GPQAHLEAHGIEVIVDQPMVGQGVADNPMSVIFSPFPVVELSLVQVVGITRSGSFIEGV	360
Mutant.seq	GPQAHLEAHGIEVIVDQPMVGQGVADNPMSVIFSPFPVVELSLVQVVGITRSGSFIEGV	360
Nip.seq	GPQAHLEAHGIEVIVDQPMVGQGVADNPMSVIFSPFPVVELSLVQVVGITRSGSFIEGV	358
HHZ.seq	SGSEFGMPVSDGALRWARSGFMLSPQTGQLTLPKQRTPEALQRAAEAMMRLDERRAFRG	420
Mutant.seq	SGSEFGMPVSDGALRWARSGFMLSPQTGQLTLPKQRTPEALQRAAEAMMRLDERRAFRG	420
Nip.seq	SGSEFGMPVSDGALRWARSGFMLSPQTGQLTLPKQRTPEALQRAAEAMMRLDERRAFRG	418
HHZ.seq	GFILEKILGPVSSGHVELRTTDPRANPSVTFNYYFREAEDLERCVHGIETIERVIQSRAFS	480
Mutant.seq	GFILEKILGPVSSGHVELRTTDPRANPSVTFNYYFREAEDLERCVHGIETIERVIQSRAFS	480
Nip.seq	GFILEKILGPVSSGHVELRTIDPRANPSVTFNYYFREAEDLERCVHGIETIERVIQSRAFS	478
HHZ.seq	NFTIYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVNDSRSP EQYCMDTVMTIWHYHGGCHVGAVVDD	540
Mutant.seq	NFTIYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVNDSRSP EQYCMDTVMTIWHYHGGCHVGAVVDD	540
Nip.seq	NFTIYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVNDSRSP EQYCMDTVMTIWHYHGGCHVGAVVDD	538
HHZ.seq	DYRVFGVQGLRVIDSSTFKYSPGTINPQATVMMILGRYMGVKIQSERWKK	588
Mutant.seq	DYRVFGVQGLRVIDSSTFKYSPDTINPQATVMMILGRYMGVKIQSERWKK	588
Nip.seq	DYRVFGVQGLRVIDSSTFKYSPGTINPQATVMMILGRYMGVKIQSERWKK	586

Fig.7

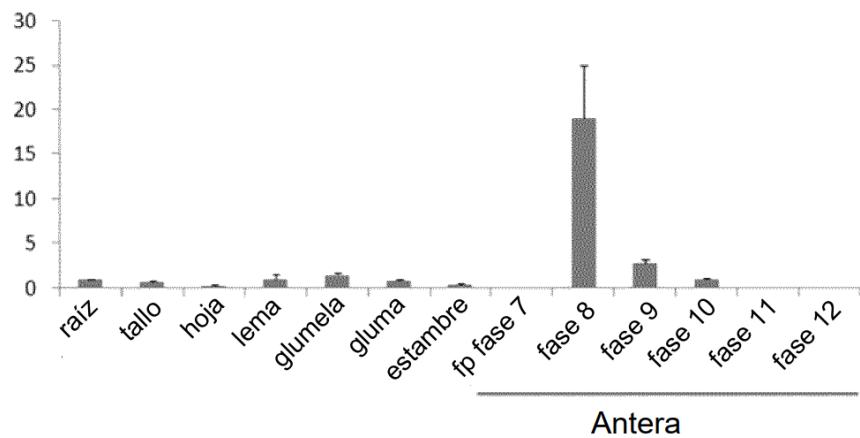


Fig.8

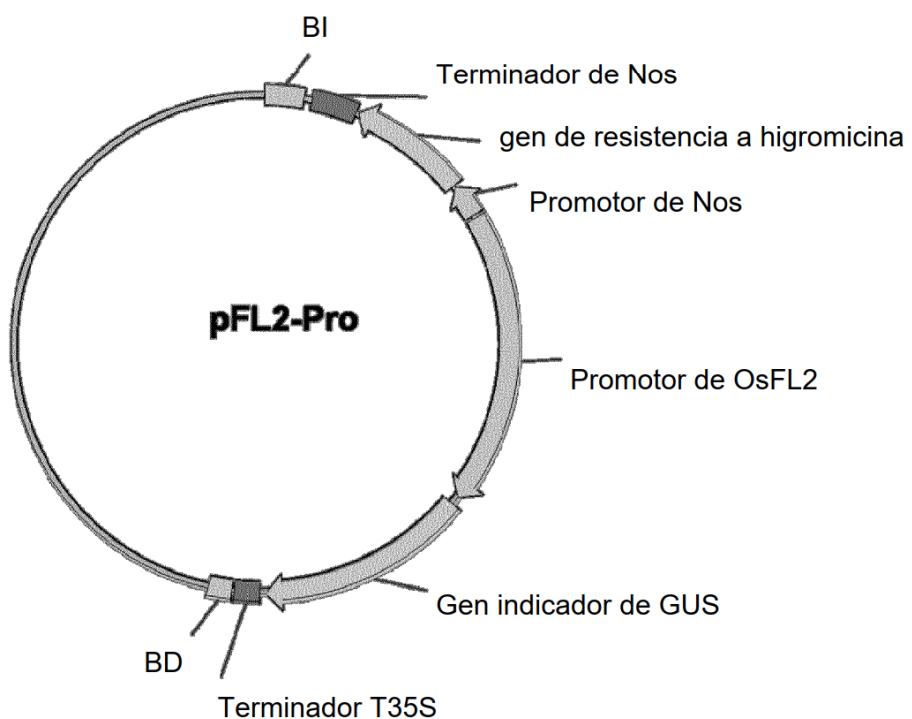


Fig.9

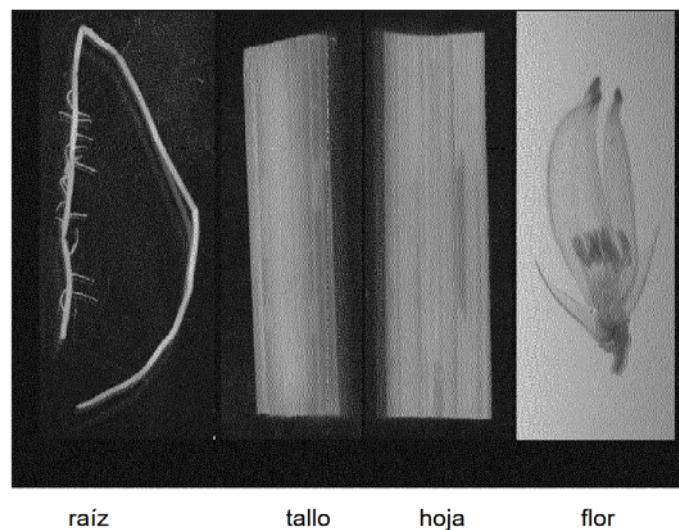


Fig.10

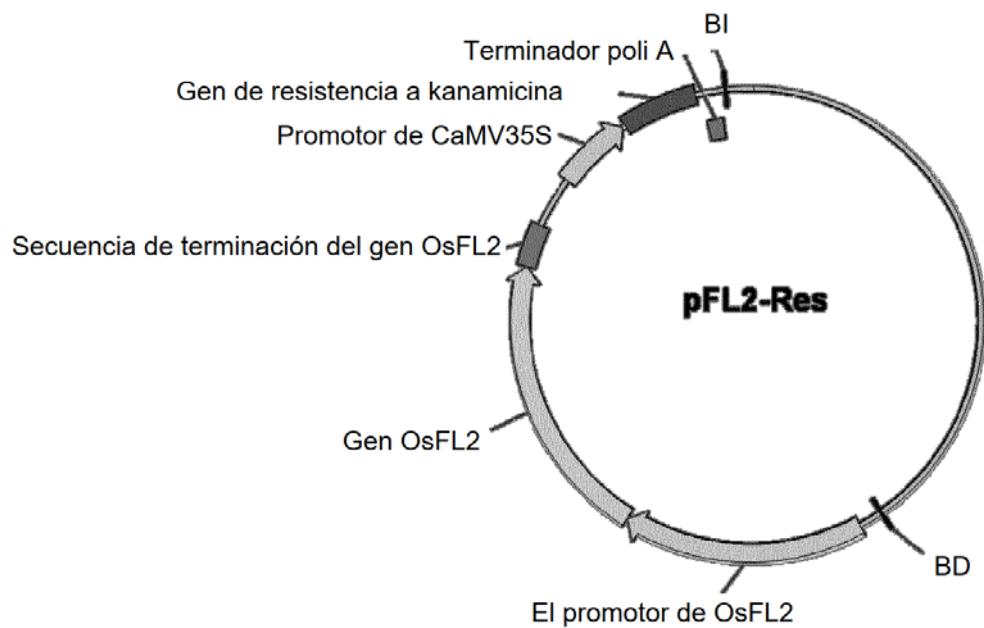


Fig.11

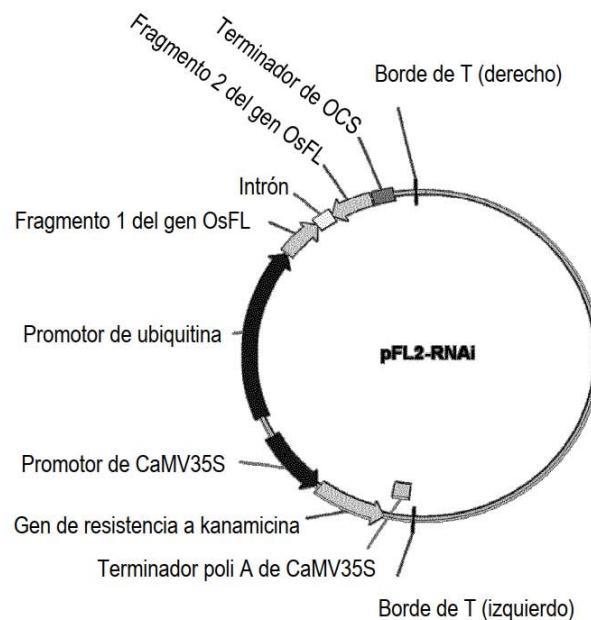


Fig.12

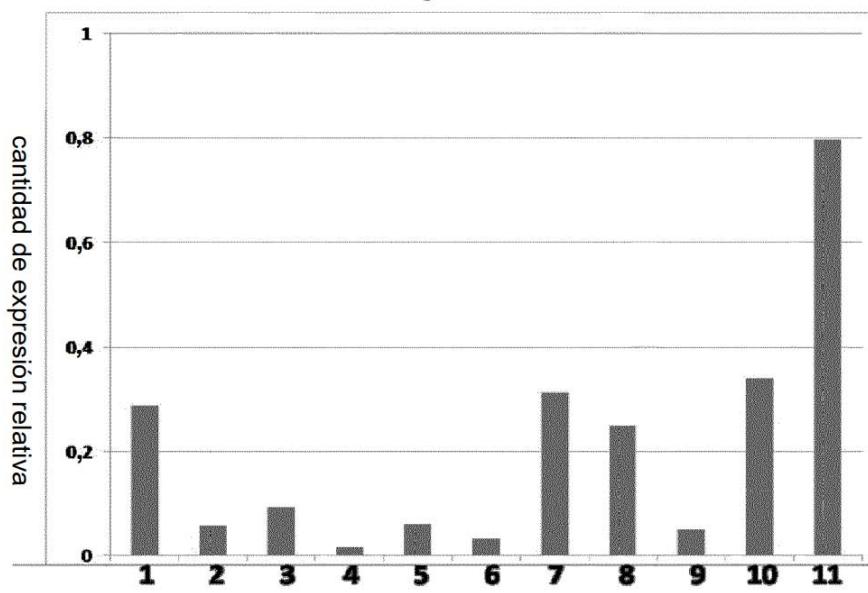


Fig.13

Paquete Sequence Manipulation: exposición de alineamiento múltiple

Arroz	...seq	-----MADLGRASSHPPVAAAARARAVLIDCIAALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	86
Cebada	...seq	MILSSFAQELLGRSPRSHIVVLAVL----GICITVIALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	85
Sorgo	...seq	-----MADLGRASSHPPVAAAARARAVLIDCIAALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	78
Mijo	...seq	-----MADLGRASSHPPVAAAARARAVLIDCIAALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	77
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	-----MADLGRASSHPPVAAAARARAVLIDCIAALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	79
Maiz	...seq	-----MADLGRASSHPPVAAAARARAVLIDCIAALSEEDPENLRFVRRAQAPLVSSNYIVIGGGTA-----	GCPЛАATLSEHSRVLLPE	88
Arroz	...seq	RGGI PYANMSSECHFTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLN-----AGFYTRASNEVRAAGWDARLVN SSYRVERALVFRPD	174	
Cebada	...seq	RGGI PYANMSSECHFTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLN-----AGFYTRASNEVRAAGWDARLVN SSYRVERALVFRPD	175	
Sorgo	...seq	RGGI PYANMSSECHFTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLN-----AGFYTRASNEVRAAGWDARLVN SSYRVERALVFRPD	168	
Mijo	...seq	RGGI PYANMSSECHFTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLN-----AGFYTRASNEVRAAGWDARLVN SSYRVERALVFRPD	167	
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	RGGI PYANMSSECHFTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLN-----AGFYTRASNEVRAAGWDARLVN SSYRVERALVFRPD	169	
Maiz	...seq	RGGI PNSRNMSDQNTDALADTS PNSPAQRFISDGVNVARARV LGGGSCLNAGFYTRASTDYVAAGWDA BLVNSSYRVERALVFRPD	188	
Arroz	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	254	
Cebada	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	255	
Sorgo	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	248	
Mijo	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	247	
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	249	
Maiz	...seq	VFPNQARALRDALLERQAVTPDN-----GFTFDHVGTKIGGTIFDQSQRHTAADFLHRARGLTVL-YATVSRILFQD-----GFPY	288	
Arroz	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	344	
Cebada	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	345	
Sorgo	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	338	
Mijo	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	337	
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	339	
Maiz	...seq	PVAYGVVPSDPLGVQHQRVYIDPQGANEVILSAGTLGSQPLLMLSGVGPGQAHLEAH-----GIVVLDQDPMVQGVGVADNPMSNVIPSPVFWELSL	368	
Arroz	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----429		
Cebada	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----429		
Sorgo	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----428		
Mijo	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----422		
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----424		
Maiz	...seq	QVQVGITRSGSFIEGVSGSFQGPVSEQL-----TIRAFQGCLPQQLGQTIPFQRTPEALRAAEAMRLDRRAFRGGFILEKILG-----488		
Arroz	...seq	PVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNAS-----YESIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	514	
Cebada	...seq	PVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNNT-----YESIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	514	
Sorgo	...seq	PVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNAS-----YESIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	508	
Mijo	...seq	PVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNAS-----YESIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	507	
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	PVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNAS-----YESIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	509	
Maiz	...seq	KVILGPVSGGHVLLPDPNPAVTFNPFRAADERCVGEIETIERNQGRAFSNFTYRNASTESIFTDSASIESEIPDSANFPVNLLPRHDNDSP	588	
Arroz	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	588	
Cebada	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	588	
Sorgo	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	582	
Mijo	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	581	
<i>Brachypodium distachyon</i>	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	583	
Maiz	...seq	EQYGMDTVMIXIHYHGGCGVGAVIDDPRYRFGVGLRVIDS-----STFKYSPGTNPQATVMLGRYMGWIKIQSERWKK	672	

Fig.14

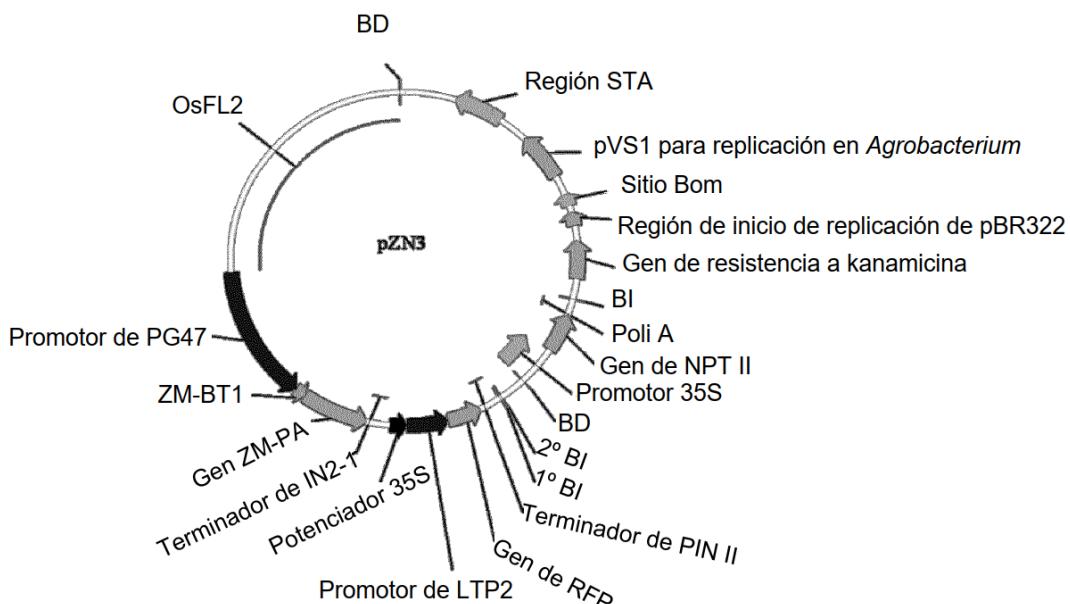


Fig.15

ES 2 913 136 T3

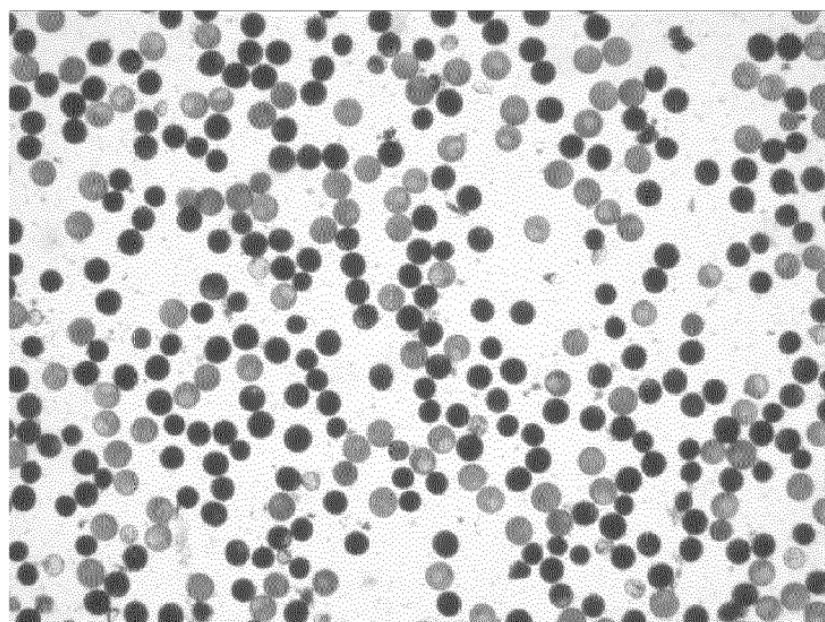


Fig.16

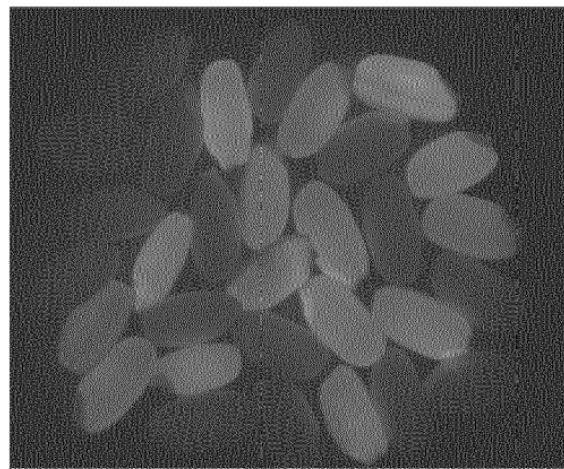


Fig. 17