

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, ZHUFENG;
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

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.

15

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:

20

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.

25

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. 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 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 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 fototermosensibles (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.

35

40

45

50

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 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.

60

65

Sumario

- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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.
- Un aspecto de referencia de la presente divulgación también describe un método de expresión de una secuencia polinucleotídica diana en una planta, que comprende:
- 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.
- 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.
- 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.

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:

- 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;
- 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.

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.
 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.
 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.
 Fig. 7- Alineamiento de secuencias proteicas relacionadas con OsFL2, incluyendo OsFL2 de Huanghuazhan 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.
 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.
 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.
 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.

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.

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.

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.

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.

- 15 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.

- 25 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 La secuencia de nucleótidos del promotor descrito en el presente documento puede utilizarse para aislar las secuencias de nucleótidos correspondientes de plantas distintas del arroz, en particular, mediante clonación basada en homología a partir de otras monocotiledóneas. Estas secuencias de nucleótidos correspondientes pueden aislarse e identificarse mediante PCR, hibridación, etc., basadas en la homología entre estas secuencias de nucleótidos correspondientes y el promotor de la presente divulgación o el promotor. Por lo tanto, las realizaciones de referencia de la presente divulgación también comprenden los fragmentos correspondientes, que tienen similitudes de secuencia con la secuencia promotora de la SEQ ID NO: 3 o SEQ ID NO: 9 (o fragmentos de la misma) y pueden aislarse en base a las similitudes.

- 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.

- 60 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.

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.

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 casetes de expresión pueden utilizarse para manipular genéticamente cualquier planta para obtener el fenotipo correspondiente deseado.

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.

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.

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 ARNi 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.

La secuencia de nucleótidos del promotor descrita en el presente documento puede aislarse 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*, cacahuete, 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 oxycoccos*, 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.

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.

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.

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.

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.

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.

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 estreptomycin, 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 fosfinotricina. 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.

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.

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.

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 *fl2/fl2* 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 elude 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 plantss, Volumen 1, Engineering and Utilization, Academic Press, 1993, pág. 15-38; Jeness 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 (*Osfl2*)

Se mutagenizaron semillas de la variedad de arroz (*Oryza 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 cribaron 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 *Osfl2*.

Ejemplo 2: Análisis genético del mutante estéril masculino de arroz (*Osfl2*)

La planta estéril del mutante de *Osfl2* 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 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.

Ejemplo 3: Análisis de estabilidad del mutante estéril masculino de arroz (*Osfl2*)

Para confirmar si la esterilidad del mutante de *osfl2* 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 restrojo 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 *Osfl2* 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 |

Ejemplo 4 Análisis fenotípico del órgano reproductor del mutante estéril masculino de arroz (*osfl2*)

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 ley 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 estigmas 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.

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 padre 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 10° 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 1688° nucleótido de la secuencia codificante del gen (Fig. 6), y como resultado, la glicina (G) cambió a ácido aspártico (D) en el 563^{er} 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' GCCTCACCGTCCTCCTCTAC 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° 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 (ggatccGGATTTTCGAGGATCAAGCT, SEQ ID NO: 37) y el cebador OsFL2-Pro-R (gtcgacTTTCGCCGGGCAAATTCGC, 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 (gtttaaaccGGATTTTCGAGGATCAAGCT, SEQ ID NO: 39) y el cebador OsFL2-Res-R (ggatccACCCTGCATTTTTTATGCC, SEQ ID NO: 40). El fragmento se digirió mediante PmeI 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 (GCGTCGCCGACAACCC, SEQ ID NO: 41) y el cebador OsFL2-Flag-R (TGGAGAAGGCCCGCGAC, 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 digirieron, 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.

Se llevó a cabo una PCR cuantitativa en tiempo real utilizando la pareja de cebadores del Ejemplo 6 basada en OsFL2 y ADNc 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 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

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 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

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 biológica conservada y desempeña un papel importante en el desarrollo de la fertilidad masculina de la planta.

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 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

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 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 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 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:

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),

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,

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).

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.

Examen de la fertilidad del polen del arroz transgénico: se analizaron 26 arroz 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 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.

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 arroz 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.

Listado de secuencias

<110> SHENZHEN INSTITUTE OF MOLECULAR CROP DESIGN FRONTIER LABORATORIES OF SYSTEMS CROP DESIGN CO.,LTD. SHENZHEN XINGWANG BIOSEED CO.,LTD.

<120> Gen de fertilidad y uso del mismo

<130>

<150> 201210445558.1

<151> 09/11/2012

<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 gagctcgtcg gcgccggtgc ttgccgccgc cgccgccgcc 60
gccgtgctcc tctcgtctctg cctcgcgcgc ctctcggaag agcaagagca actggagaac 120
ctgcggttcg tgcggcacgc gcaggacgcg ccgctggtgt cgagctacaa ctacatcgtc 180
atcggcggcg gcacggcggg gtgcccgcgt gcggcgacgc tgtcggagca ctcgcgcgtg 240
ctgctgctgg agcgcggcgg cctgccgtac gccaacatgt cgagcgagca gcacttcacg 300
gacgcgctgg ccgacacgtc gccggcgtcg ccggcgacgc ggttcattct ggaggacggc 360
gtggtgaacg cccggggcgc ggtgctcggc ggccggagct gcctcaacgc cgggttctac 420
acgccccgca gcaacgagta cgtgcgcgcc gccgggtggg acgcgcggct ggtgaactcg 480
tcgtaccggt ggggtggagc ctcgctggtg ttccgccccg acgtgccgcc gtggcaggcg 540
gcgctccgcg acgcgctgct cgaggtcggc gtcacgcccg acaacggctt caccttcgac 600
cacgtcaccg gcaccaagat cggcggcacc atcttcgaca actccggcca gcgccacacc 660
gccgccgact tcctccgcca cgcccccccc cgccgctca cgtcctcct ctacgccacc 720
gtctcccgtc tcctcttcaa aagccaagac ggggtgccgt acccggtggc gtacggggtg 780
gtgttctcgg acccgctggg ggtgcagcac cgggtgtacc tccgcgacgg cgacaagaac 840
gaggtgatcg tgtcggcggg gacgctgggg agcccgacgc tgtgatgct gagcggcgtc 900
gggccgcagg cgcacctgga ggcgcacggc atcgaggtga tcgtggacca acccatggtc 960
gggcaggcg tcgccgacaa cccgatgaac tcggtgttca tcccgtcgcc ggtgccggtg 1020
gagctctccc tgggtcaggt cgtcggcacc acccgctccg gcagcttcat cgagggggtg 1080
agcgggtcgg agttcggcat gccggtgtcg gacggcgcg cccggtgggc gcgcagcttc 1140
gggatgctgt cgccgcagac ggggcagctc ggcacgctgc cgccgaagca gaggacgccg 1200
gaggcgctgc agcggggcgc ggaggcgatg atgcggctgg acaggagggc gttccgggga 1260
ggcttcatcc tggagaagat cctcggggcg gtgtcctccg gccacgtcga gctgcgaacc 1320
accgacctga gggcgaacct gtcggtgacg ttcaactact tccgcgaggc ggaggatctg 1380
gagcgggtcg tccatggcat cgagacgac gagcgggtga tccagtcgcg ggccttctcc 1440
aacttcacct acgccaacgc ctccgtcgag tccatcttca ccgattccgc caacttcccc 1500
gtcaacctgc tgccgcgcca tgtcaacgac tcgcgctcgc cggagcagta ctgcatggac 1560
accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgccatg tcggcgccgt cgtcgacgac 1620
gattaccggg tggtcggggg gcaggggctc aggggtgatc acagctccac cttcaagtac 1680
tcccccgca ccaacctca ggccaccgtc atgatgctcg gcaggtatat ggggtggaag 1740
attcagtcgg 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 | 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

| | |
|---|-----|
| ggatttcgag gatcaagctc cagatctcga gcaaggcaag ccacctttga acatcttgag | 60 |
| cctatatatttg aaatttaatt atgttgcttg aaaaatatta tgcattgata ggaccgcact | 120 |
| taatctgttg acccgtctgc aaggcagatt ggcggaccta cctaatttgc tgcatttgat | 180 |
| ccttcctttg ttaattgtta tatcatgtcc ccttgtaacc atctagttgc gtctcgatat | 240 |

ES 2 913 136 T3

| | | | | | | |
|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| togtgcaccc | tgtgcgagta | tcgacggacg | ccttcaaact | taaaatctga | ataacaactt | 300 |
| gggtaaaact | tgggttttac | aaaagacttg | gaaaacccga | cacctgggtc | ggtgcttgcg | 360 |
| aactaaatga | atttccaaaa | ccgcggaaccg | gggaacgtac | cgggtgtacg | gtttcccgct | 420 |
| cttgcaactta | aggaccgttt | ccttggaatt | tcatctaaac | ataagacaag | tacgaccaca | 480 |
| tgggtggaat | gggacacccc | tggctgagta | actagcttat | caggggagcc | ttgatgccga | 540 |
| gagacatgtg | gattcgcccg | ggtggtgtcg | gggaggaccc | ctgggcttcc | tggcacagca | 600 |
| tgggtctggga | cctaacctgt | tgttggtctg | ggacccctct | cgtcagcata | tggtaaactt | 660 |
| gtgtcggctt | tcgaaatgcc | ttgtcatgaa | agcttggagg | tctcccgacg | tggctgatcc | 720 |
| ccacgggctg | ggtgatcccg | gttagtaatg | tcgtgtgggt | aaagtgtacc | ccctctgcag | 780 |
| aggttaacaa | actgtttgaa | cagccgtgcc | cacggctcatg | ggcggatgtg | aggtgattcc | 840 |
| tagtgtagtt | ttgtttgact | actgcttggt | aaattgctgt | tgtggaaagg | ggttcgatgt | 900 |
| ttgaaaaatc | tgcagctgat | aggatcagct | aggcccggtt | ggccgtttga | aagttgttgg | 960 |
| cccgggtggc | cgttgaaaag | ccgttggccg | ggtgcccaacc | ttgattcatt | tctaaagact | 1020 |
| gatacattgc | acataactccg | accggacgag | acgcactgtc | tcatccgtgt | cgttgagaag | 1080 |
| cactcactta | gttgttttta | gaaaagagtt | caaataaaat | caattgcaaa | aacaacagtc | 1140 |
| ttttcttgaa | gcctgcatta | aacacttatt | tcccatggct | tgctgagtag | tccctgtactc | 1200 |
| acccttgctc | tatataaata | atcccccccc | agttgctgaa | gaagatgaag | cggaaacctgc | 1260 |
| tgatgaggag | ttcttcacag | agcaagcccg | ctacgatgag | ttttaggggt | tcggcctagt | 1320 |
| tcccaagtca | cgcctgtgtt | gtttggtcca | agtcctggct | tccgtttccc | ttttgtaatg | 1380 |
| cagttgtgag | ctcgggatct | gtccgcagcc | caacataact | gtacctctac | tctataataa | 1440 |
| agagacctct | attgctgtga | tattccgtct | tcctgcgata | ccagcactgt | ttcctgggac | 1500 |
| tggatatgat | taacagggtta | atttgagcgc | tcacgggcta | attccggctg | gtactagttc | 1560 |
| ggggcgtgac | aaaaacacaa | aaaaaagaaa | ccaaccgtct | taaaacttac | aactttacca | 1620 |
| ttcggcaata | caactgcaat | gggccaagaa | gttaatttaa | agttaagagc | aaattcattt | 1680 |
| ggaccacctt | ttgttacaga | tgtttcactt | tggaccacat | accacccatc | tctcttctcg | 1740 |
| agcatgaaca | atctcgatta | cattggctcc | tactcatcaa | taaactctca | catatatatg | 1800 |
| taaaaccatt | catcgggtata | tgacaagtta | tatatggata | aaagagttga | ggatgatcca | 1860 |
| aatgtcaca | aaggtaagaa | taataaccgg | tataaagtga | gaacatcgat | aaacatcgct | 1920 |
| aataaaagt | cgtctatagt | aaaatttact | ctaaaattaa | atcacctaata | attttaatat | 1980 |
| ttttttgtac | aatggaccg | tttcaatggg | gctttatcag | atttagttga | gatgcataca | 2040 |
| tggtaagcac | cgtcataatc | ttgcccaaga | gctgacccaa | ctcattaaaa | ttacgcttct | 2100 |

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|------|
| tttacgactt aataaatcaa gaagaaacca ttgaaatcca gcctgccccg actgtctcgt | 2160 |
| aacagaaaaa taactaagca acgactaaat tatgatTTtTa aaatggcaaa aatatcaaag | 2220 |
| cacgttcgaa acaatcgcaa gattggcaag taaactctcc tgcttgcttg ctcacaacca | 2280 |
| catcagatca ttgatcaatg tttcatcagc tcatcacttc tgcattgcatg ttatatTTctt | 2340 |
| ctcagggctc ctccacaatt tacaaagctg ctcgaagatc ttctttgcag tgcaaagcaa | 2400 |
| tctgcaagat tattcaagac atctactctt gatctaccat tgagctaact ccggatatat | 2460 |
| aaacagaccg aacgtttcgt ccaggggaa tgtgaaagtt agcgaatttg ccggcgaaa | 2520 |

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

<400> 4

5

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| ggatttcgag gatcaagctc cagatctcga gcaaggcaag ccacctttga acatcttgag | 60 |
| cctatatattg aaatttaatt atgttgcttg aaaaatatta tgcattgata ggaccgcact | 120 |
| taatctgttg acccgtctgc aaggcagatt ggcgaccta cctaatttgt tgcatttgat | 180 |
| ccttcctttg ttaattgtta tatcatgtcc ccttgtaacc atctagttgc gtctcgatat | 240 |
| tcgtgcaccc tgtgcgagta tcgacggacg ccttcaaact taaaatctga ataacaactt | 300 |
| gggtaaaact tgggttttac aaaagacttg gaaaaccga cacctgggtc ggtgcttgcg | 360 |
| aactaaatga atttccaaa cgcggaccg gggaacgtac cgggtgtacg gtttccgct | 420 |
| cttgactta aggaccgttt ccttggaatt tcatctaaac ataagacaag tacgaccaca | 480 |
| tgggtggaat gggaacccc tggctgagta actagcttat caggggagcc ttgatgccga | 540 |
| gagacatgtg gattcgccgg ggtggtgtcg gggaggaccc ctgggcttcc tggcacagca | 600 |
| tggctctgga cctaacctgt tgttggtctg ggaccctct cgtcagcata tggtaaacct | 660 |
| gtgtcggtt tcgaaatgcc ttgtcatgaa agcttgagg tctcccgacg tggctgatcc | 720 |
| ccacgggctg ggtgatccgg gttagtaatg tcgtgtgggt aaagtgtacc ccctctgcag | 780 |
| aggtaacaa actgtttgaa cagccgtgcc cagggtcatg ggcggtgtg aggtgattcc | 840 |
| tagtgtagtt ttgtttgact actgcttggt aaattgctgt tgtggaaagg gggtcgatgt | 900 |
| ttgaaaaatc tgcagctgat aggatcagct aggccgggt ggccgtttga aagttgttg | 960 |
| cccggtggc cgttgaaaag ccgttgccg ggtgccaacc ttgattcatt tctaaagact | 1020 |
| gatacattgc acatactccg accggacgag acgactgtc tcatccgtgt cgttgagaag | 1080 |
| cactcactta gttgttttta gaaaagagtt caaataaaat caattgcaa aacaacagtc | 1140 |
| ttttcttgaa gcctgcatta aacacttatt tcccatggct tgctgagtac tctgtactc | 1200 |
| acccttgctc tatataaata atccccccc agttgctgaa gaagatgaag cggaacctgc | 1260 |

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| tgatgaggag ttcttccagg agcaagccgg ctacgatgag ttttaggggtt tcggcctagt | 1320 |
| tcccaagtca cgcctgtgtt gtttgggtcca agtcctggct tccgtttccc ttttgtaatg | 1380 |
| cagttgtgag ctccgggatct gtccgcagcc caacataact gtacctctac tctataataa | 1440 |
| agagacctct attgctgtga tattccgtct tcctgcgata ccagcactgt ttcctgggac | 1500 |
| tggatcgcg taacagggtta atttggagcg tcacgggcta attccggctg gtactagttc | 1560 |
| ggggcgtgac aaaaacacaa aaaaaagaaa ccaaccgtct taaaacttac aactttacca | 1620 |
| ttcggaata caactgcaat gggccaagaa gttaatttaa agttaagagc aaattcattt | 1680 |
| ggaccacctt ttgttacaga tgcttcactt tggaccacat accaccatc tctcttctcg | 1740 |
| agcatgaaca atctcgatta cattggctcc tactcatcaa taaactctca catatatatg | 1800 |
| taaaaccatt catcgggtata tgacaagtta tatatggata aaagagttga ggatgatcca | 1860 |
| aaatgtcaca aaggttaagaa taataaccgg tataaagtga gaacatcgat aaacatcgct | 1920 |
| aataaaagtt cgtctatagt aaaatttact ctaaaattaa atcacctaata attttaatat | 1980 |
| ttttttgtac aaatggaccg tttcaatggg gctttatcag atttagttga gatgcataca | 2040 |
| tggtaaacac cgtcataatc ttgccaaga gctgaccaa ctcatataaa ttacgcttct | 2100 |
| tttacgactt aataaatcaa gaagaaacca ttgaaatcca gcctgccccg actgtctcgt | 2160 |
| aacagaaaaa taactaagca acgactaaat tatgatttta aaatggcaaa aatatcaaaag | 2220 |
| cacgttcgaa acaatcgcaa gattggcaag taaactctcc tgcttgcttg ctcaaacca | 2280 |
| catcagatca ttgatcaatg tttcatcagc tcatcacttc tgcagcatg ttatatctt | 2340 |
| ctcagggctc ctccacaatt taaaaagctg ctggaagatc ttctttgcag tgcaaagcaa | 2400 |
| tctgcaagat tattcaagac atctactctt gatctacat tgagctaact ccggatatat | 2460 |
| aaacagaccg aacgtttcgt ccaggggaa tgtgaaagt agcgaatttg cccggcgaaa | 2520 |
| atggcagcac ttggccgcgc gagctcgtcg gcgcgggtgc ttgccgcgcg cgcgcgcgc | 2580 |
| gccgtgctcc tctcgtctcg cctcgcgcgc ctctcggaag agcaaggtgc gtaaacgttg | 2640 |
| cgttgatctt ttgctgtgat gcgtgttgcg togtcgtcgt gtcatggcg tgcgatggcg | 2700 |
| ttgtgcagag caactggaga acctgcgggt cgtgcggcac gcgcaggacg cgcgcgtgt | 2760 |
| gtcgcgctac aactacatcg tcatcggcgc cggcacggcg gggcgccgcg tggcggcgac | 2820 |
| gctgtcggag cactcgcgcg tgctgtctgt ggagcgcggc ggcctgcgt acgccaacat | 2880 |
| gtcgcgcgag cagcacttca cggacgcgct ggccgacacg tcgccggcgt cgcggcgca | 2940 |
| gcggttcac tgcgaggacg gcgtggtgaa cgcccgggcg cgggtgctcg gcggcgggag | 3000 |
| ctgcctcaac gccgggttct acacgcgggc gagcaacgag tacgtgcgcg ccgccgggtg | 3060 |
| ggacgcgcgc ctggtgaact cgtcgtaccg gtgggtggag cgctcgttg tgttccgccc | 3120 |
| cgacgtgccg ccgtggcagc cggcgtccg cgacgcgctg ctgaggtcg gcgtcacgcc | 3180 |

ES 2 913 136 T3

cgacaacggc ttcaccttcg accacgtcac cggcaccaag atcggcggca ccatcttcga 3240

caactccggc cagcgccaca ccgccgccga cttcctccgc cacgcccgcc cccgcggcct 3300

caccgtcctc ctctacgcc a cgtctcccg tatcctcttc aaaagccaag gtacacagct 3360

acgatgaaaa tggaaaatgt gctgtgcgcc gaagaagctt gacctcacga cggcgagctt 3420

ttgccatggc gtgcagacgg ggtgccgtac ccggtggcgt acgggggtggt gttctcggac 3480

ccgctggggg tgcagcaccg ggtgtacctc cgcgacggcg acaagaacga ggtgatcgtg 3540

tccgcgggga cgctggggag cccgcagctg ctgatgctga gccgcgtcgg gccgcaggcg 3600

cacctggagg cgcacggcat cgaggatgac gtggaccaac ccatggtcgg gcagggcgtc 3660

gccgacaacc cgatgaactc ggtgttcac ccgtcgcggg tgcgggtgga gctctccctg 3720

gtgcaggtcg tcggcatcac ccgctccggc agcttcacgc aggggggtgag cgggtcggag 3780

ttcggcatgc cgggtgcgga cggcgcgctc cgggtgggcgc gcagcttcgg gatgctgtcg 3840

ccgcagacgg ggagctcgg cagcgtgccg ccgaagcaga ggacgccgga ggcgctgcag 3900

cgggcggcgg aggcgatgat gcggctggac aggagggcgt tccggggagg cttcatcctg 3960

gagaagatcc tcgggccggg gtcctccggc cagctcagac tgcgaaccac cgaccgagg 4020

gcgaaccctg cggtgacgtt caactacttc cgcgaggcgg aggatctgga gcggtgcgtc 4080

catggcatcg agacgatcga gcgggtgac cagtcgcggg ccttctccaa cttcacctac 4140

gccaacgcct ccgtcagatc catcttcacc gattccgcca acttcccgt caacctgctg 4200

ccgcgccatg tcaacgactc gcgctcggc gagcagtact gcatggacac cgtcatgacc 4260

atctggcact accacggcgg ctgccatgtc ggcgcgctcg tcgacgacga ttaccgggtg 4320

ttcgggggtg aggggctcag ggtgatcgac agctccacct tcaagtactc ccccggcacc 4380

aaccctcagg ccacgcgtcat gatgctcggc aggttaactgg catcatttta gctcatgaaa 4440

gtgcattgcc atgagtaaca acacactaac agtatagttt tcaatatgga cactgggcag 4500

gtatatgggt gtgaagattc agtccgagag atggaagaaa tgatgaacaa aagataattt 4560

cgtttcagga gcaaaaaaat gcatgtaatt caaggaaaag aaaatgttca actgtcttta 4620

gagtttagag tagattttat ttgcacccac ttaattttta ctcttctcta gacatagggt 4680

cagtatctgc ttgttgatta tgtaaccttg aagaagcatt gcaaaaacaa agcggaaact 4740

tatgttacca agggcatgac gaagaaataa atggattaga tttcattgac acttagaaaa 4800

tggaaccagc aaatcaaggc tgaaaataat tacaactagaa acttatttta atggctttac 4860

atgtcgttac atacttaaat caatcaaagt tgctaccaa gccatgttcc ctaaacagag 4920

ggttccgggc tctcaaacat tottaatctt ctatacattg ataaaaagta tacataaaaa 4980

gaaaacctat taagatggaa atgttgaatt ctcttaagaa aggcataaaa 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 gagctcgtcg gcgccggtgc ttgccgccgc cggcccgctg | 60 |
| ctcctctcgc tctgcctcgc cgcgctctcg gaagagcaag agcaactgga gaacctgcgg | 120 |
| ttcgtgcggc acgcgcagga cgcgccgctg gtgtcgagct acaactacat cgtcatcggc | 180 |
| ggcggcacgg cgggggtgcc gctggcgggc acgctgtcgg agcactcgcg cgtgctgctg | 240 |
| ctggagcgcg ggggcctgcc gtacgccaac atgtcgagcg agcagcactt cacggacgcg | 300 |
| ctggccgaca cgtcgccggc gtcgccggcg cagcggttca tctcggagga cggcgtggtg | 360 |
| aacgcccggg cgcgggtgct cggcggcggg agctgcctca acgccgggtt ctacacgcgg | 420 |
| gcgagcaacg agtacgtgcg cgcctccggg tgggacgcgc ggctggtgaa ctcgctgtac | 480 |
| cgggtgggtgg agcgtctcgt ggtgttccgc cccgacgtgc cggcgtggca ggcggcgctc | 540 |
| cgcgacgcgc tgctcgaggt cggcgtcacg cccgacaacg gcttcacctt cgaccacgtc | 600 |
| accggcacca agatcggcgg caccatcttc gacaactccg gccagcgcca caccgccgcc | 660 |
| gacttcctcc gccacgcccg cccccgcggc ctcaccgtcc tcctctacgc caccgtctcc | 720 |
| cgtatcctct tcaaaagcca agacggggtg ccgtaccggg tggcgtacgg ggtggtgttc | 780 |
| tgggacccgc tgggggtgca gcaccgggtg tacctccggc acggcgacaa gaacgaggtg | 840 |
| atcgtgtcgg cggggacgct ggggagcccg cagctgctga tgctgagcgg cgtcgggccg | 900 |
| caggcgacc tggaggcgca cggcatcgag gtgatcgtgg accaaccat ggtcgggcag | 960 |
| ggcgtcggcg acaaccgat gaactcgggt ttcacccgt cggcgggtgc ggtggagctc | 1020 |
| tccctggtgc aggtcgtcgg catcaccgc tccggcagct tcacgaggg ggtgagcggg | 1080 |
| tccgagttcg gcatgccgt gtcggacggc gcgctccgtt gggcgcgag cttcgggatg | 1140 |
| ctgtcggcgc agacggggca gctcggcacg ctgccgccga agcagaggac gccggaggcg | 1200 |
| ctgcagcggg cggcgaggc gatgatgcgg ctggacagga gggcgttccg gggaggttc | 1260 |
| atcctggaga agatcctcgg gccggtgtcc tccggccacg tcgagctgcg aaccaccgac | 1320 |
| ccgaggcgga acccgtcggg gacgttcaac tacttccggc aggcagagga tctggagcgg | 1380 |
| tgcgtccatg gcatcgagac gatcgagcgg gtgatccagt cgcgggcctt ctccaacttc | 1440 |
| acctacgcca acgcctccgt cgagtccatc ttcaccgatt ccgccaaact ccccgtaac | 1500 |
| ctgctgccgc gccatgtcaa cgactcgcgc tcgccggagc agtactgcat ggacaccgtc | 1560 |
| atgaccatct ggcactacca cggcggtgc catgtcggcg ccgtcgtcga cgacgattac | 1620 |
| cgggtgttcg ggggtgcagg gctcagggtg atcgacagct ccaccttcaa gtactcccc | 1680 |
| ggcaccaacc ctcaggccac cgtcatgatg ctcggcaggt atatgggtgt gaagattcag | 1740 |
| tccgagagat ggaagaaatg 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 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
<212> ADN
<213> *Oryza sativa*

<400> 7

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| atggcagcac ttggccgcgc gagctcgtcg gcgccggtgc ttgccgccgc cgcgccgcc | 60 |
| gccgtgctcc tctcgtctctg cctcgccgcg ctctcggaag agcaagagca actggagaac | 120 |
| ctgcggttcg tgcggcacgc gcaggacgcg ccgctggtgt cgagctacaa ctacatctc | 180 |
| atcggcggcg gcacggcggg gtgcccgtg gcggcgacgc tgtcggagca ctcgcgctg | 240 |
| ctgctgctgg agcggggcg cctgccgtac gccaacatgt cgagcgagca gcacttcacg | 300 |
| gacgcgctgg ccgacacgtc gccggcgctc ccggcgacgc ggttcattctc ggaggacggc | 360 |
| gtggtgaacg cccggggcg ggtgctcggc ggcgggagct gcctcaacgc cgggttctac | 420 |
| acgcgggcga gcaacgagta cgtgcgcgcc gccgggtggg acgcgcggct ggtgaactcg | 480 |
| tcgtaaccgt gggtaggagc ctcgctggtg ttccgccccg acgtgccgcc gtggcaggcg | 540 |
| gcgctccgcg acgcgctgct cgaggtcggc gtcacgcccg acaacggctt caccttcgac | 600 |
| cacgtcaccc gcaccaagat cggcggcacc atcttcgaca actccggcca gcgccacacc | 660 |
| gccgccgact tcctccgcca cgcgccccc cgcggcctca ccgtcctcct ctacgccacc | 720 |
| gtctcccgtc tcctcttcaa aagccaagac ggggtgccgt acccggtggc gtacggggtg | 780 |
| gtgttctcgg acccgctggg ggtgcagcac cgggtgtacc tccgcgacgg cgacaagaac | 840 |
| gaggtgatcg tgtcggcggg gacgctgggg agcccgacgc tgcgatgct gagcggcgctc | 900 |
| gggccgcagg cgcacctgga ggcgacggc atcgagggtga tcgtggacca acccatggtc | 960 |
| gggcaggggc tcgccgacaa cccgatgaac tcggtgttca tcccgctgcc ggtgccggtg | 1020 |
| gagctctccc tgggtgcaggc cgtcggcatc acccgctccg gcagcttcat cgagggggtg | 1080 |
| agcgggtcgg agttcggcat gccggtgtcg gacggcgcg cccggtgggc gcgcagcttc | 1140 |
| gggatgctgt cgcgcgagac ggggcagctc ggacgctgc cgccgaagca gaggacgccg | 1200 |
| gaggcgctgc agcggggcg ggaggcgatg atgcggctgg acaggagggc gttccgggga | 1260 |
| ggcttcatcc tggagaagat cctcgggccg gtgtcctccg gccacgtcga gctgcgaacc | 1320 |
| accgaccgga gggcgaaccc gtcggtgacg ttcaactact tccgcgaggc ggaggatctg | 1380 |
| gagcgggtgc tccatggcat cgagacgac gagcgggtga tccagtcgcg ggccttctcc | 1440 |
| aacttcacct acgccaacgc ctccgtcgag tccatcttca ccgattccgc caacttcccc | 1500 |
| gtcaacctgc tgccgcgcca tgtcaacgac tcgcgctcgc cggagcagta ctgcatggac | 1560 |
| accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgccatg tcggcgccgt cgtcgacgac | 1620 |
| gattaccggg tgttcggggg gcaggggctc agggtgatcg acagctccac cttcaagtac | 1680 |
| ttcccgaca ccaaccctca ggccaccgtc atgatgctcg gcaggtatat ggggtgtgaag | 1740 |
| attcagtcgg 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 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

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

<400> 9

| | | | | | | |
|-------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
| aaaacacaaa | aaaaagaaac | caaccgtctt | aaaacttaca | actttaccat | tcggcaatac | 60 |
| aactgcaatg | ggccaagaag | ttaattttaa | gttaagagca | aattcatttg | gaccaccttt | 120 |
| tgttacagat | gcttcacttt | ggaccacata | ccacccatct | ctcttctcga | gcatgaacaa | 180 |
| tctcgattac | attggctcct | actcatcaat | aaactctcac | atatatatgt | aaaaccattc | 240 |
| atcggtatat | gacaagttat | atatggataa | aagagttgag | gatgatccaa | aatgtcacaa | 300 |
| aggtaagaat | aataaccggt | ataaagtgag | aacatcgata | aacatcgcta | ataaaagttc | 360 |
| gtctatagta | aaatttactc | taaaattaaa | tcacctaata | ttttaatatt | tttttgtaca | 420 |
| aatggaccgt | ttcaatgggg | ctttatcaga | tttagttgag | atgcatacat | ggtaagcacc | 480 |
| gtcataatct | tgcccaagag | ctgacccaac | tcattaaaat | tacgcttctt | ttacgactta | 540 |
| ataaatcaag | aagaaaccat | tgaaatccag | cctgccccga | ctgtctcgta | acagaaaaat | 600 |
| aactaagcaa | cgactaaatt | atgattttta | aatggcaaaa | atatcaaagc | acgttcgaaa | 660 |
| caatcgcaag | attggcaagt | aaactctcct | gcttgcttgc | tcacaaccac | atcagatcat | 720 |
| tgatcaatgt | ttcatcagct | catcacttct | gcatgcatgt | tatattcttc | tcagggctcc | 780 |
| tccacaattt | acaaagctgc | tcgaagatct | tctttgcagt | gcaaagcaat | ctgcaagatt | 840 |
| attcaagaca | tctactcttg | atctaccatt | gagctaactc | cggatatata | aacagaccga | 900 |
| acgttttcgtc | ccaggggaat | gtgaaagtta | gcgaatttgc | ccggcgaaa | | 949 |

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

<400> 10

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|-----|
| acgatgaacc aagcaggccc ttagaaaaaa tatagtgcac gcgcaaaagc gtctcaagat | 60 |
| tggccagtaa accctcgcat ttgatatact ccttccgtct aaaaacaaag ctcatcactt | 120 |
| ttgcatttcg caaccaatgc actgcatttg atataaccat tccctttcta tagtaacaca | 180 |
| atztatggg ctctcgcgg ctgttctttg cactgtaatt atttaacaca tctaccctcg | 240 |
| atctaccgc ttgctaactc caggtttata aaccaagcga acttttcgcg tccctgaagc | 300 |
| gtaaaggatg ctgagctcgc cggcgcaaat ggcacttggc cgcgcgagat cgccggcgct | 360 |
| ggtgctagtc gccgccgtcc ttggctcgct ctgcatcgtc gcactctcgg aggatggtgc | 420 |

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| gtatgctcac ctgcatggtt tttctggggg gtttggacat cggctacgtg cgtgtgtgtt | 480 |
| ctgtcatgat cgttggacat tgtgatgacc aaaatggtgt gccgtgctg tgtgcagagc | 540 |
| aactggagaa cctgcggttc gtgcagcacg cgcaggacgc gccgctggtg tcgcacttca | 600 |
| actacatcgt ggtcggcggc ggcacgtccg ggtgcccgct ggcggcgacg ctgtcggagc | 660 |
| actcgcgggt gtcctgctg gagcgcgggg gcctccccta ccgcaacatg tcgaaccagg | 720 |
| agcacttcac ggacgcgctg gccgacacgt cgctggcgct cccggcgagc cggttcatct | 780 |
| cgacggacgg cgtggtgaac gcgcggggcg ggtgctggg cggcgggagc tgcctcaacg | 840 |
| ccgggttcta cacgcggggc agcaacgagt acgtgcgcac ggccgggtgg gacgccaggc | 900 |
| tggtgaactc gtcgtaccgg tgggtggagc gcgcgctggt gttccggccc gacgtgccgc | 960 |
| cgtggcaggc cgcgctccgg gacgcgctgc tggaggccgg cgtcaccccg gataacggat | 1020 |
| tcaccttcga ccacgtgacg gggaccaaga tcggcggcac catcttcgac aacaacgggc | 1080 |
| agcggcacac cgccgcgac ttctccggc acgcccggc gcgggggctc accgtggtgc | 1140 |
| tctacgccac ggtgtcggg atcctgttca ggagccagga gggggtgccg taccgggtgg | 1200 |
| cgtacgggggt ggtgttcgcg gaccgcgtgg ggtgcagca ccgggtgtac ctccgggacg | 1260 |
| gggccaagaa cgaggtgatc ctgtcggcgg ggacgctggg gagcccgag ctgctgatgc | 1320 |
| tgagcggcgt cggcccgag gcgcacctg aggcgcacgg catccagggt ctggtggacc | 1380 |
| agcccatggt cgggcagggc gtggccgaca accccatgaa ctcggtcttc atcccgctgc | 1440 |
| ccgtgcccgt ggggctctcc ctggtgcagg tggtcgggat caccaagtcc ggcagcttca | 1500 |
| tcgagggcgt gagcggctcc gagttcggca tcccggtgtc ggacggcgcc cgccgcctcg | 1560 |
| ccaacttcgg cctcttctcg cccagaccg ggcagctcg cacgctgccg ccggggccaga | 1620 |
| ggacgccgga ggcgctgcag cgggcggcgg aggcgatgag gcggctggac cggcgggcgt | 1680 |
| tccggggcgg cttcatcctg gagaagatcc tggggccgggt gtcgacgggg cacatcgagc | 1740 |
| tgcgaccac cgaccgcgc gccaacccgg ccgtcacctt caactacttc caggaggcgg | 1800 |
| aggacctgga gcggtgcgtg cgggggatcc agaccatcga gcgggtgatc cagtcgcgcg | 1860 |
| cattctccaa cttcacctac gccaacacca ccgtcgagtc catcttcacc gactcggcca | 1920 |
| acttccccgt caaccttctg ccgcggcacg tcaacgactc ccgctcgccg gagcagtact | 1980 |
| gcagggagac cgtcatgacc atctggcact accacggcgg ctgccacgtc ggagccgtcg | 2040 |
| tcgacgacaa ctaccgggtg ttccgggtgg gggggctcag ggtcatcgac agctccacct | 2100 |
| tcagggtact ccccggcacc aaccgcagg ccaccgtcat gatgctcggc aggtaaacac | 2160 |
| cagacccttg caattatact gatctgaatg aatgaactcg actaacacga acgttataaa | 2220 |
| tctggtatgt acaggatatat gggcataaag attcaggccg agagatggag gaaatgatat | 2280 |
| ttcag | 2285 |

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

5 <400> 11

ES 2 913 136 T3

```

atgctgagct cgccggcgca aatggcactt ggccgcgcga gatcgccggc gctggtgcta      60
gtcgccgcccg tccttggctc gctctgcatc gtgcactctc cggaggatga gcaactggag      120
aacctgcgggt tcgtgcagca cgcgcaggac gcgccgctgg tgtcgcaactt caactacatc      180
gtggtcggcg gcggcacgtc cgggtgcccg ctggcggcga cgctgtcgga gcaactcgcg      240
gtgctcctgc tggagcgcg ggccctcccc taccgcaaca tgtcgaacca ggagcacttc      300
acggacgcgc tggccgacac gtcgctggcg tccccggcgc agcggttcat ctcgacggac      360
ggcgtggtga acgcgcgggc gcgggtgctg ggccggcgga gctgcctcaa cgccgggttc      420
tacacgcggg ccagcaacga gtacgtgcgc acggccgggt gggacgccag gctggtgaac      480
tcgtcgtacc ggtgggtgga gcgcgcgctg gtgttcgggc ccgacgtgcc gccgtggcag      540
gccgcgctcc gggacgcgct gctggaggcc ggcgtcaccc cggacaacgg attcaccttc      600
gaccacgtga cggggaccaa gatcgccggc accatcttcg acaacaacgg gcagcggcac      660
accgccgccg acttcctccg gcacgcccgg ccgcgggggc tcaccgtggt gctctacgcc      720
acggtgtcgc ggatcctgtt caggagccag gagggggtgc cgtaccgggt ggcgtacggg      780
gtggtgttcg cggaccgctt gggggtgcag caccgggtgt acctccggga cggggccaag      840
aacgaggtga tcctgtcgcc ggggacgctg gggagcccgcc agctgctgat gctgagcggc      900
gtcggcccgcc aggcgcacct ggaggcgcac ggcatccagg tgctggtgga ccagcccatg      960
gtcggggcagg gcgtggccga caaccccatg aactcgggtct tcatcccgtc gcccggtgcc      1020
gtggggctct ccctggtgca ggtggtcggg atcaccaagt ccggcagctt catcgagggc      1080
gtgagcggct ccgagttcgg catcccgggt tcggacggcg cccgccgcct cgccaacttc      1140
ggcctcttct cgccccagac cgggcagctc ggcacgctgc cgccgggcca gaggacgccg      1200
gaggcgctgc agcgggcgcc ggaggcgatg aggcggctgg accggcgggc gttccggggc      1260
ggcttcatcc tggagaagat cctggggccg gtgtcgacgg ggcacatcga gctgcgcacc      1320
accgaccgcg gcgccaaccc ggccgtcacc ttcaactact tccaggaggc ggaggacctg      1380
gagcgggtgcg tgcgggggat ccagaccatc gagcgggtga tccagtcgcg cgcattctcc      1440
aacttcacct acgccaacac caccgtcgag tccatcttca ccgactcggc caacttcccc      1500
gtcaacctgc tgccgcggca cgtcaacgac tcccgtcgcg cggagcagta ctgcaggag      1560
accgtcatga ccatctggca ctaccacggc ggctgccacg tcggagccgt cgtcgacgac      1620
aactaccggg tgttcggggg gggggggctc agggtcacgc acagctccac cttcaggtac      1680

tcccccgcca ccaaccgca ggccaccgtc atgatgctcg gcaggtatat gggcataaag      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 | 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 |
| | | | | |
| Asn Phe Thr Tyr Ala Asn Thr Thr Val Glu Ser Ile Phe Thr Asp Ser | | | | |
| | | 485 | | 490 |
| | | | | |
| Ala Asn Phe Pro Val Asn Leu Leu Pro Arg His Val Asn Asp Ser Arg | | | | |
| | | 500 | | 505 |
| | | | | |
| Ser Pro Glu Gln Tyr Cys Arg Glu Thr Val Met Thr Ile Trp His Tyr | | | | |
| | | 515 | | 520 |
| | | | | |
| His Gly Gly Cys His Val Gly Ala Val Val Asp Asp Asn Tyr Arg Val | | | | |
| | | 530 | | 535 |
| | | | | |
| Phe Gly Val Gly Gly Leu Arg Val Ile Asp Ser Ser Thr Phe Arg Tyr | | | | |
| | | 545 | | 550 |
| | | | | |
| Ser Pro Gly Thr Asn Pro Gln Ala Thr Val Met Met Leu Gly Arg Tyr | | | | |
| | | 565 | | 570 |
| | | | | |
| Met Gly Ile Lys Ile Gln Ala Glu Arg Trp Arg Lys | | | | |
| | | 580 | | 585 |

<210> 13
 <211> 1964
 <212> ADN
 <213> *Sorghum bicolor*
 <400> 13

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|-----|
| atggcgctg ggcttgcgag ctgggccgcg ctgggggttt tggccatcgt tcttggctcc | 60 |
| tcgtgcctcg tcgcgctctc ggaggatggt tcgtgccgtg ccggactgca tgccgtgaat | 120 |
| atggtcatgc gtttttgttt tcttttggat tttctgact tctgcaaacg tctgaatcgg | 180 |
| tgcatggtca tatgtatgtg cagagccact ggagaacctg cggttcgttc gccacgcgca | 240 |
| ggacgcgccg ctggtgtcgc aatacaacta catcgtcatc ggcgggcgga cggcgggctg | 300 |
| cccgctggcg gcgacgctgt cggagcactc ccgctgctg ctccctggagc gcggaggcct | 360 |
| cccctaccgc aacatgtcca accagcagca cttcacggag gcgctggcgg acacgtcccc | 420 |
| ggcgtcgccc gcgcagcggg tcatctccga ggacggcgtg gtgaacgcgc gggcgcggt | 480 |
| gctgggcggc gggagctgcc tcaacgccgg cttctacacg cgggccagca acgactacgt | 540 |
| gcgcgccgcc ggggtgggaca cccgcctcgt caactcctcg taccactggg tggagcgcgc | 600 |
| gctcgtgttc cgcccggaag tgcccccatg gcaggccgcg ctccgcgacg cgctgctgga | 660 |

ES 2 913 136 T3

```

ggccggcgctc acccccgaca acggcttcac cttcgaccac gtcccgggca ccaagatcgg 720
cggcaccatc ttcgacagca gggggcagcg gcacaccgcc gccgacttcc tccgccacgc 780
gcggcccagg ggcctcaccg tgttcctcta cgctaccgtc tcgaggatcc tcttcaggca 840
gcaagagggc gtgccgtacc cgggtggcgta cggcggtggg ttacaggacc cgctgggcgt 900
gcagcaccgg gtgtacctcc gcgacggcgg caagaacgag gtgatcctgt ccgcggggac 960
gctggggagc ccgcagctgc tgatgctgag cggcgctcga ccgcaggcgc acctggaggc 1020
gcacggcatc cagggtgctgg tcgaccagcc catggtcggg cagggcgtgg ccgacaaccc 1080
catgaactcg gtgttcatcc cgtcgccggg gcccgctcacg ctctcgctcg tgcaggctcg 1140
cgggatcacc cggttcggca gcttcatcga gggcgctcag ggctccgagt tcggcatccc 1200
cgtctccgac ggcgcccgcc gcctagctcg caacttcggc ctcttctctc ctccagggtg 1260
gtcggtcggt ccggtcggtg cttcggtcca tactgacagc aacatagccg ccggaatga 1320
aatgtactga ctactgacgg atcatcttgc ggcagaccgg gcagctgggc acgctgccgc 1380
cgaagcagag aaccccgagg gctctggagc gggcggcgga ggcgatgcgg cggctggaca 1440
ggcgggcggt ccggggcggc ttcacacctg agaagatcct gggcccggtg tcgtcggggc 1500
acatcgagct gcggtccgcc gaccgcgcg cgaacccggc ggtgacgttc aactacttcc 1560
aggagtcgga ggacctggag cgggtgcgtg acggcatcca gacgatcgag cgggtgatcc 1620
agtcccgggc cttcgccaaac ttcacctacg ccaacgcgtc cgtggagtcc atcttcaccg 1680
actccgcaa cttccccgtc aacctcctgc cgcggcacgt caacgactcc cggacgcccg 1740
agcagtactg cagggaacacc gtcatgacca tctggcacta ccacggcgga tgccaggctc 1800
gcgccgtcgt cgacgacgat taccgggtgt tcggcgtgca gcggctcagg gtgatcgaca 1860
gctccacgtt caagtactcc ccggggacca acccgaggc caccgtcatg atgctcgga 1920
ggtatatggg ggtgaaaatt caggccaga gatggaggaa atga 1964

```

<210> 14

<211> 1749

<212> ADN

<213> *Sorghum bicolor*

<400> 14

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| atgggcgcctg ggcttgcgag ctccggccgag ctggggggttt tggccatcgt tcttggtccc | 60 |
| tcgtgcctcg tcgcgctctc ggaggatgag ccactggaga acctgcgggtt cgttcgccac | 120 |
| gcgcaggacg cgccgctggt gtcgcaatac aactacatcg tcatcggcgg cggcacggcg | 180 |
| ggctgcccgc tggcggcgac gctgtcggag cactcccgcg tgctgctcct ggagcgcgga | 240 |
| ggcctcccct accgcaacat gtccaaccag cagcacttca cggaggcgct ggcggaacacg | 300 |
| tccccggcgt cgcccgcgca gcggttcata tccgaggacg gcgtggtgaa cgcgcgggcg | 360 |
| cggttgctgg gcggcgggag ctgcctcaac gccggcttct acacgcgggc cagcaacgac | 420 |
| tacgtgcgag ccgcggggtg ggacaccgag ctctgcaact cctcgtagga ctgggtggag | 480 |
| cgcgcgctcg tgttcgccc ggacgtgccc ccatggcagg ccgcgctccg cgacgcgctg | 540 |
| ctggaggcgg gcgtcacccc cgacaacggc ttacacctcg accacgtccc ggacaccaag | 600 |
| atcgccggca ccatcttcga cagcagcggg cagcggcaca ccgccgccga ctctctccgc | 660 |
| cacgcgcggc ccaggggctt caccgtgttc ctctacgcta ccgtctcgag gatcctcttc | 720 |
| aggcagcaag agggcggtgc gtaccgggtg gcgtacggcg tgggtgttcac ggaccgctg | 780 |
| ggcgtgcagc accgggtgta cctccgcgac ggccggcaaga acgaggtgat cctgtccgcg | 840 |
| gggacgctgg ggagcccgca gctgctgatg ctgagcggcg tcggaccgca ggcgcacctg | 900 |
| gaggcgacg gcacccaggt gctggtcgac cagcccatgg tcgggcaggg cgtggccgac | 960 |
| aaccccatga actcggtgtt catcccgtag ccggtgcccg tcacgctctc gctcgtgcag | 1020 |
| gtcgtcggga tcacccgggt cggcagcttc atcgaggcg tcagcggctc cgagttcggc | 1080 |
| atccccgtct ccgacggcgc ccgccgccta gctcgcaact tcggcctctt ctctcctcag | 1140 |
| accgggcagc tgggcacgct gccgccgaag cagagaaccc cggaggctct ggagcggggc | 1200 |
| gcggaggcga tgcggcggtt ggacaggcgg gcgttccggg gcggcttcat cctggagaag | 1260 |
| atcctggggc cgggtgctgc ggggcacatc gagctgcggt ccgccgacct gcgcgcgaac | 1320 |
| ccggcggtga cgttcaacta cttccaggag tcggaggacc tggagcggtg cgtgcacggc | 1380 |
| atccagacga tcgagcgggt gatccagtcc cgggccttcg ccaacttcac ctacgccaac | 1440 |
| gcgtccgtgg agtccatctt caccgactcc gccaaacttc ccgtcaacct cctgccgcgg | 1500 |
| cacgtcaacg actcccgac gcccgagcag tactgcaggg acaccgtcat gaccatctgg | 1560 |
| cactaccacg gcggatgcca ggtcggcgcc gtcgtcgacg acgattaccg ggtgttcggc | 1620 |
| gtgcagcggc tcagggtgat cgacagctcc acgttcaagt actccccggg gaccaacccg | 1680 |
| caggccaccg tcatgatgct cggaaggtat 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 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 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 2 913 136 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
<212> ADN
<213> *Zea mays*

<400> 16

5

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| ctcacagcaa attcgtctca cgcataattcg tcatccagct ccgtttaaaa tgcgtgctca | 60 |
| ttatccctca agcatgcata tactatata gatgcagatc atatatgacc ttatatacaat | 120 |
| tatcaccacc tcgattcctc gcggcacatc tttgcaccgc agaacgaccg tgcagtattt | 180 |
| tatacaaaca tctactctcg atctacccat gagctaactc ccaatatata agcgagccga | 240 |
| acttttctcc tatctgagca ctgctgctgc tgaaaatggc gcctgggctt gcgaactggg | 300 |
| tcgcgctggg tctgaccgtc ctcccttggtc tctcgtgcct cgtcgtcgcg ctctcgagg | 360 |
| atggtttgtg ccggacttgt caccgcgtct ttggtatttc tgcagttctg caaacgtgtg | 420 |
| aattggcatg gacatgtgca gaaacactgg acaagctgcg gttcgtgcgc caccgacagg | 480 |
| acgcgccccct ggtgtcgcag tacaactaca tcgtgatcgg cggcggcacg gcggggtgcc | 540 |
| cgctggcggc gacgctgtcg gagcactcgc gcgtgctgct cctggagcgc gggggcctcc | 600 |
| cgtcccga caatgtccgac cagcagcact tcacggacgc gctggcggac acgtccccgg | 660 |
| cgtcggcgc gcagcgggtc gtgtccgagg acggcgtggg gaacgcgcgg gcccggtgc | 720 |
| tgggcggggg cagctgcctc aacgccgggt tctacacgcg ggccagcacc gactacgtgc | 780 |
| gcgccgccgg ctgggacgcc cgcctcgtca actcgtccta ccgctgggtg gagcgcgcgc | 840 |
| tcgtgttccg ccccgccgtg ccccggtggc aggcgcgcgt ccgcgacgcg ctgctcgagg | 900 |
| ccggcgtcac gcccgacaac ggcttcacct tcgaccacgt caccggcacc aagatcgggg | 960 |
| gcaccatctt cgacagcagc ggccagcgcc acaccgccgc cgacttcctc cgccacgcgc | 1020 |
| gccccagggg gtcaccgtg ttccctctacg ctaccgtctc caggatcctc ttcagacagc | 1080 |
| aaggtacgta cgtgcgtgca cggcttcgcg attttttttt cgacagtgcg ggctggcacg | 1140 |
| atcgcgctct gaagcggaga atcgtgcgct gtcgacagag ggcgtgccgt acccggtggc | 1200 |
| gtacggtgtg gtgttcacgg acccgctcgg ggtgcagcac cgggtgtacc tccgggacgg | 1260 |

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| cgccaagaac gaggtgatcc tgtcggcggg gacgctgggg agcccgagc tgctgatgct | 1320 |
| gagcggcgtc ggcccgagc cgcacctgga ggcgcacggc gtccaggtgc tggaggacca | 1380 |
| gcccattggtc gggcagggcg tggctgacaa cccgatgaac tcggtgttca tcccgtcgcc | 1440 |
| ggtgcccgtc acgtgtgcgc tcgtgcaggt cgtcgggatc acccgggccg gcagcttcat | 1500 |
| cgagggcgctg agcggctccg agttcggcat ccccgctctc gagggcgccc gtcgcctggc | 1560 |
| tcgcagcttc ggcctcttct ctccgcagac ggggcagctg ggcacgttgc cgccgaagca | 1620 |
| gagaacccca gaggccctgg agcgcgcggc ggaggcgatg cggcggtgac acaggcgggc | 1680 |
| gttccggggc ggattcatcc tggagaagat cctgggcccc gtctcctcgg gccacgtcga | 1740 |
| gctgcgggtc gccgacccgc gcgcgaaccc ggcggtgacg ttcaactact tccaggagtc | 1800 |
| ggaggacctg cagcgggtgcg tgcgcggcat ccagacgatc gagcgcgtga tccagtcccc | 1860 |
| ggccttcgcc aacttcacct acgccaacgc ttccacggag tccatcttca ccgactccgc | 1920 |
| caacttcccc gtcaacctcc tgccgcggca cgtcaacgac tcccggacgc ccgagcagta | 1980 |
| ctgcagggac accgtcatga ccatctggca ttaccacggc ggggtgccagg tcggcgccgt | 2040 |
| cgtggacgac gattaccggg tgttcggcgt gcagcgactg aggggtgatc acagctccac | 2100 |
| gttcaagtac tccccggca ccaaccgcga ggccaccgtc atgatgctcg gaaggatat | 2160 |
| gggtgtgaaa attcaggccg agagatggag gaaatgatc agatttcaag tttcagcatg | 2220 |
| gtctagggac taggcctcta gctgtgataa tgaatatcaa tcaacacatc tgtaactggg | 2280 |
| taactgctct agcctctaga gtaggtttta tttttctcta gatatttttt taatctcctc | 2340 |
| tagacatact cctagcttcc gcatgttggt ggttccattt caccacaccc ctagatgcat | 2400 |
| tgttcagcat ttcgcgggaa taatgagaat tatgctgaaa aggcattgatc gtcctcctg | 2460 |
| cctattctac agaaaattaa ataaagaacc gccatttcat caaataaacc aaaggccgtg | 2520 |
| ttctgtggat tgggaaggat cgaggaagat taaatcgttt ctatttaatt ttccctaat | 2580 |
| tttaa | 2585 |

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

<400> 17

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|-----|
| atggcgctg ggcttgcgaa ctgggtcgcg ctggttcgcg ctggttctga ccgtcctcct | 60 |
| tggctctctg tgcctcgtcg tcgcgctctc ggaggatggg ttgtgatggg ttgtgccgga | 120 |
| cttgtcacgc gctctttggg atttctgcag ttctgcaaac gtgtgaattg gcatgaattg | 180 |
| gcatggacat gtgcagaaac actggacaag ctgcggttcg tgcgccacgc acaggacgcg | 240 |
| cccctacgcg ccctggtgt cgcagtacaa ctacatcgtg atcggcggcg gcacggcggg | 300 |

ES 2 913 136 T3

gtgcccgtg gggccgctg gggcgacgc tgtcggagca ctgcgcgtg ctgctcctgg 360
 agcgcggggg cctcccgtcc cgcaacgtcc cgcaacatgt ccgaccagca gcacttcacg 420
 gacgcgctgg cggacacgtc cccggcgtcg cccgcgctcg cccgcgcagc ggttcgtgtc 480
 cgaggacggc gtggtgaacg cgcgggcccg ggtgctgggc gggggtgggc gggggcagct 540
 gcctcaacgc cgggttctac acgcgggcca gcaccgacta cgtgcgcgcc gccgggcgcc 600
 gccggctggg acgcccgcct cgtcaactcg toctaccgct ggggtggagcg cgcgctcgtg 660
 ttccgtcgtg ttccgccccg ccgtgccccg gtggcaggcc gcgctccgcg acgcgctgct 720
 cgaggccggc gtcacccggc gtcacgcccg acaacggctt caccttcgac cacgtcacgg 780
 gcaccaagat cgggggcacc atcttgacc atcttcgaca gcagcggcca gcgccacacc 840
 gccgccgact tcctccgcca cgcgcgcccc agggggcccc agggggctca ccgtgttcct 900
 ctacgctacc gtctccagga toctcttcag acagcaaggc acgtaaaggc acgtacgtgc 960
 gtgcacggct tccgcatttt tttttcgaca gtgcgggctg gcacgatcgc gctctatcgc 1020
 gctctgaagc ggagaatcgt gcgctgtcga cagagggcgt gccgtacccg gtggcgtagc 1080
 gtgtggtacg gtgtggtgtt cacggacccg ctccgggtgc agcaccgggt gtacctccgg 1140
 gacggcgcca agaaccgcca agaacgaggc gatcctgtcg gcggggacgc tggggagccc 1200
 gcagctgctg atgctgagcg gcgtcgagcg gcgtcgccc gcaggcgcac ctggaggcg 1260
 acggcgctca ggtgctggtg gaccagccca tggctcgcca tggctgggca gggcggtgct 1320
 gacaaccgga tgaactcgtt gttcatcccg togccggtgc ccgtcggtgc ccgtcacgct 1380
 gtcgctcgtg caggctcgtc ggatcaccgc gtccggcagc ttcatcgagg gcgtgcgagg 1440
 gcgtgagcgg ctccgagttc ggcatccccg tctccgaggc cgcgcgtcgc ctggctcgca 1500
 gcttctcgca gcttcggcct cttctctccg cagacggggc agctgggcac gttgccgccg 1560
 aagcagagaa cccagagaa cccagaggc cctggagcgc gcggcgagg cgatgcggcg 1620
 gctggacagg cggcggttcc gggcggttcc gggcggtatt catcctggag aagatcctgg 1680
 gccccgtctc ctccggccac gtcgagctgc ggtccgctgc ggtccgccga cccgcgcgcg 1740
 aaccggcggt tgacgttcaa ctacttcag gaggcgagg acctgggagg acctgcagcg 1800
 gtgcgtgcgc ggcattccaga cgatcgagcg cgtgatccag tccggggcct togccggcct 1860
 tcgccaactt cacctacgcc aacgcttcca cggagtccat cttcaccgac tccgccaact 1920
 tccccaaact tcccgtcaa cctcctgccg cggcacgtca acgactcccg gacgcccag 1980
 cagtactgca gggacctgca gggacaccgt catgaccatc tggcattacc acggcggtg 2040
 ccaggctggc gccgtcgtgg acgaccgtgg acgacgatta cggggtgttc ggcgtgcagc 2100
 gactgagggt gatcgacagc tccacgttca agtacgttca agtactccc cggcaccaac 2160
 ccgcaggcca ccgtcatgat gctcggaagg tatatgggtg tgaaagggtg tgaaaattca 2220

ggccgagaga tggaggaaat ga

2242

<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 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 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

```
tttgccggcg aaaatggcgc tggggcttgc gagctcggcg gcgctgggtc tagccaccat    60
cctgggctcc ttgtgcctcg tcgcactctc agaggatgag caactcgaga acctgcgggt    120
```

ES 2 913 136 T3

| | | | | | | |
|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|------|
| cgtgcggcgc | gcacaggacg | cgccctggt | gtcgcactac | aactacatca | tcatcggcgg | 180 |
| cggcacggcg | ggttgccac | tggcggcgac | gctgtcggag | cactcccgcg | tgctgctcct | 240 |
| ggagcgcggt | ggcctcccct | accgcaacat | gtccaaccag | cagcacttca | cggacgcgct | 300 |
| ggcggacacg | tccccggcgt | cgccggcgca | gcggttcac | tccgaggacg | gcgtggtgaa | 360 |
| cgcccgggcg | cgggtgctgg | gcggtggcag | ctgcctcaac | gccgggttct | acacgcgcgc | 420 |
| cagcaacgac | tacgtgcacg | cgccgggtg | ggacgcgcgc | ctcgtcaact | cgctcctaccg | 480 |
| ctgggtggag | cgcgcgctgg | tgttccgccc | cgacgttccg | ccgtggcagg | cggcgctccg | 540 |
| cgacgcgctg | ctcgaggccg | gcgtcacgcc | cgacaacggg | ttcaccttcg | accacgtcac | 600 |
| ggggaccaag | atcgggggca | ccatcttcga | cagcagcggg | cagcggcaca | ccgccgcgca | 660 |
| cttcctccgc | cacgcgcgcc | ccgggggcct | caccgtgctc | ctctacgcca | ccgtctcgag | 720 |
| gacctcttc | aggcagcagg | agggggcgcc | gtacccggtg | gcgtacggcg | tggtgttcag | 780 |
| cgaccgcgctg | ggggtgcagc | accgggtgta | cctccaggac | ggcggcaaga | acgaggtgat | 840 |
| cctatcggcg | gggacgctgg | ggagcccgca | gctgctgatg | ctgagcggcg | tcgggcccga | 900 |
| ggcgcacctg | gaggcgcaag | gcgtccaggt | gctagtggac | cagcccatgg | tcgggcaggg | 960 |
| cgtggccgac | aatcccatga | actcgggtgt | catcccgtcg | cccgtgcccg | tcgcgctctc | 1020 |
| gctcgtgcag | gtcgtgggga | tcacccgcac | cggcagcttc | atcgagggcg | tcagcggctc | 1080 |
| cgagttcggc | atcccagttc | ccgagggcgt | ccgccgcctc | gctcgcaact | tcggcctctt | 1140 |
| ctctcctcag | accgggcagc | tcggcacgct | gccgccgaag | cagaggacgc | cggaggcgct | 1200 |
| gcagcgcgcg | gcggaggcga | tgccggcgct | ggacaggcgg | gcgttccggg | gcggcttcat | 1260 |
| cctggagaag | atcctggggc | ccgtgtcgtc | gggccacatc | gagctgcgct | ccaccgaccc | 1320 |
| gcgcgcgaac | ccggcggtga | cgttcaacta | cttcaggag | aaggaggacc | tggaccggtg | 1380 |
| cgtgcatggc | atcgagacga | tcgagcgggt | catccagttc | cgggccttcg | ccaatttcac | 1440 |
| ctacgccaac | gcctccgtcg | agtccatctt | caccgactcc | gccaaacttc | ccgtcaacct | 1500 |
| gctgccgcgc | cacgccaacg | actcccggac | gccggagcag | tactgcaggg | acaccgtcat | 1560 |
| gaccatctgg | cactaccacg | gcggctgcca | ggtcggcgcc | gtcgtcgacg | atgactaccg | 1620 |
| ggtgttcggc | gtgcagcggc | tcagggtcat | cgacagctcc | accttcaagt | actccccagg | 1680 |
| caccaacccg | caggccacccg | tcattgatgct | cggaagggtat | atgggtgtga | aaatccaggc | 1740 |
| agagagatgg | aggaaatgat | caagaagagc | aaatgatttc | tgtatcgggg | tacctgacta | 1800 |
| tctgctttag | agtagtttta | ttttattttt | ctctttactc | ttctctagag | atagttctag | 1860 |
| tttccggttg | ttgattccaa | atccttcaca | cccttgagat | gcatagctca | gcattttogca | 1920 |
| agaacagtga | aaaattatgc | tgcatgggca | tgatggaaa | | | 1959 |

<210> 20
<211> 581

ES 2 913 136 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 Ile Gly 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 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

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> *Brachypodium distachyon*

<400> 21

```

atggcacttt gccgcgcgat ctcggcggcg ctggtgctcg ccgccgccgt cttactcggc      60
tcgctctgcc ccgtcgccct ctcgaggagc ggtgcgtaca tatattctgc cttccgtggt      120
tcttaagttg tcacgactca cgattaacgt gtctcattcg tgcgtgcaga gcgactggag      180
aacctgcggt tcgtgcagca cgcacgcgac gcgccgctgg tgcgcgactt caactacatc      240
atcgtggggc ggggcacgtc ggggtgcccg ctggcgggcg cgctgtcgga gcactcgcgg      300
gtgctcctcc tggagcgggg cgggctgccg cacgccaaaca tgcgagcca ggagcacttc      360
acggacgcgc tggcggacac gtccccggcg tccccggcgc agcggttcgt ttcggaagac      420
ggggtggtga acgcccgcgc cagggtgctt ggcggaggga gctgcctcaa cgcgggcttc      480
tacacgcgcg ccagcaacga gtacgtgcgc accgccgggt gggaccccag gctggtgaac      540
tcgtcctacc gctgggtgga gcgcgcgctc gtgttcgggc caggcgtgcc gccgtggcag      600
gcggctctgc gggacgcgct gctcgaggcc ggcgtcacgc cggataacgg cttcacgttt      660
gatcatgtca cggggaccaa gatcgggggc accatcttcg acggcaacgg ccagcggcac      720
acggccgccg acttcctacg gcacgccagg ccagggggcc tcaccgtcgt gctctacgcc      780
accgtgtcac ggatcctcct cagaagccaa ggtactcttt catgatccta atttcatgtc      840

```

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|------|
| gaactacgca gaaagaagta agaacgactt atttttgtgc cgtgacacta ctgtagaggg | 900 |
| cgttccgtac ccggtggcgt acggggtggt gttcggggac ccgctggggg tgcagcaccg | 960 |
| ggtgtacctc cgtgacgggg ccaagaacga ggtgatcctg gcggccggga cgctggggag | 1020 |
| cccgacagctg ctgatgctga gcggcggtggg cccgcaggcg cacctggagg cccacggcat | 1080 |
| ccaggccctg gtcgaccagc ccatggtcgg gcagggcgtc gccgacaacc ccatgaactc | 1140 |
| ggtgttcata ccgtcgccgg tgcccggtggg cctctccctg gtgcaggctg tcggcatcac | 1200 |
| caagtccggc agcttcatcg agggcgtcag cggctcggag ttcggcatcc cggctctcca | 1260 |
| cagcgcccg cgcctcgccg ccagcttcgg cctcttctct cctcagaccg ggcagctcgg | 1320 |
| cacgctgccg cccaagcaga ggacgcccga ggcgctgcag cgcgcggcgg acgccatgcg | 1380 |
| gcggctcgac cggcgcgcgt tccggggcgg cttcatcctg gagaagatcc tcgggcccgt | 1440 |
| ctccacgggg cacgtcgagc tccggaccac ggacccgagg gccaaaccgg cggtgctggt | 1500 |
| caactacttc caggaggcgg aggacctgga gcggtgcgtg cgggggatcc agacgatcga | 1560 |
| gcgtgtgatc gcgtcgctg ccttttcgaa cttcacctac tccaacgcct ccgtggagtc | 1620 |
| catcttcagc gactcggcga acttccccgt gaacctgctg ccgcggcacg ccaacgactc | 1680 |
| caggctcgcc gagcagtact gcaggagagac cgtcatgacc atctggcact accacggcgg | 1740 |
| ctgccatgtc gcgcgccgtc tcgacgacga ttaccgggtg tttggggtaa gggggctcag | 1800 |
| ggtcatcgac agctccacct tcagggtact ccccggcacc aaccgcagg ccaccgtcat | 1860 |
| gatgctcggc aggtaaactc gtcgaagtct gaaatgatta gttgtgttga tctgaatgac | 1920 |
| cttgagtaaa aacactagtg ttctgaatct gcacaggat atgggagtga agattcaggc | 1980 |
| cgagagatgg aggaagtgat | 2000 |

<210> 22

<211> 1752

<212> ADN

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 22

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|------|
| atggcacttt gccgcgcgat ctccggcggcg ctggtgctcg ccgccgccgt cttactcggc | 60 |
| tcgctctgcc ccgtcgccct ctccggaggac gagcgactgg agaacctgcg gttcgtgcag | 120 |
| cacgcatcgg acgcgccgct ggtgtgcac ttcaactaca tcatcgtggg cgggggcacg | 180 |
| tcgggggtgcc cgctggcggc gacgctgtcg gagcactcgc ggggtgctcct cctggagcgg | 240 |
| ggcgggctgc cgcacgcaa catgtcgagc caggagcact tcacggacgc gctggcggac | 300 |
| acgtccccgg cgtccccggc gcagcggttc gtttcggaag acgggggtgg gaacgcccg | 360 |
| gccaggggtgc ttggcggagg gagctgcctc aacgcgggct tctacacgcg cgccagcaac | 420 |
| gagtacgtgc gcaccgccg gtgggacccc aggctgggtga actcgtccta ccgctgggtg | 480 |
| | |
| gagcgcgcgc tcgtgttccg gccaggcgtg ccgccgtggc aggcggctct gcgggacgcg | 540 |
| ctgctcgagg ccggcgtcac gccggataac ggcttcacgt ttgatcatgt caccgggacc | 600 |
| aagatcgggg gcaccatctt cgacggcaac ggccagcggc acacggccgc cgacttccta | 660 |
| cggcacgcca ggcccagggg cctcaccgtc gtgctctacg ccaccgtgtc acggatcctc | 720 |
| ttcagaagcc aagagggcgt tccgtaccg gtggcgtacg ggggtggtgtt cggggacccg | 780 |
| ctgggggtgc agcaccgggt gtacctccgt gacggggcca agaacgaggt gatcctggcg | 840 |
| gccgggacgc tggggagccc gcagctgctg atgctgagcg gcgtgggccc gcaggcgcac | 900 |
| ctggaggccc acggcatcca ggccctggtc gaccagcca tggtcgggca gggcgtcgcc | 960 |
| gacaaccca tgaactcgggt gttcatcccg tcgccgggtc ccgtgggcct ctccctgggtg | 1020 |
| caggctcgtc gcatacacia gtccggcagc ttcatcgagg gcgtcagcgg ctccgagttc | 1080 |
| ggcatcccgg tctccgacag cgcgcgcgc ctcgccgcca gcttcggcct cttctctcct | 1140 |
| cagaccgggc agctcggcac gctgccgccc aagcagagga cgcgcgaggc gctgcagcgc | 1200 |
| gcggcgggacg ccatgcggcg gctcgaccgg cgcgcgttcc ggggcggcct catcctggag | 1260 |
| aagatcctcg ggccggtctc cacggggcac gtcgagctcc ggaccacgga cccgagggcc | 1320 |
| aaccggcgcg tgctgttcaa ctacttcag gaggcggagg acctggagcg gtgcgtgcgg | 1380 |
| gggatccaga cgatcgagcg tgtgatcgcg tcgcgtgcct ttccgaactt cacctactcc | 1440 |
| aacgcctccg tggagtccat cttcagcgac tcggcgaaact tccccgtgaa cctgctgccg | 1500 |
| cggcacgcca acgactccag gtcgcccag cagtactgca gggagaccgt catgaccatc | 1560 |
| tggcactacc acggcggctg ccatgtcggc gccgtcgtcg acgacgatta ccgggtgttt | 1620 |
| ggggtaaggg ggctcagggt catcgacagc tccaccttca ggtactcccc cggcaccaac | 1680 |
| ccgcaggcca ccgtcatgat gctcggcagg tatatgggag 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 | | | |

5

ES 2 913 136 T3

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Ser | His | Phe | Asn | Tyr | Ile | Ile | Val | Gly | 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 | 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 305 | Ile | Gln | Ala | Leu | Val 310 | Asp | Gln | Pro | Met | Val 315 | Gly | Gln | Gly | Val | Ala 320 |
| Asp | Asn | Pro | Met | Asn 325 | Ser | Val | Phe | Ile | Pro 330 | Ser | Pro | Val | Pro | Val | Gly 335 |
| Leu | Ser | Leu | Val 340 | Gln | Val | Val | Gly | Ile 345 | Thr | Lys | Ser | Gly | Ser | Phe | Ile 350 |
| Glu | Gly | Val 355 | Ser | Gly | Ser | Glu | Phe 360 | Gly | Ile | Pro | Val | Ser | Asp | Ser | Ala |
| Arg 370 | Arg | Leu | Ala | Ala | Ser | Phe 375 | Gly | Leu | Phe | Ser | Pro 380 | Gln | Thr | Gly | Gln |
| Leu 385 | Gly | Thr | Leu | Pro | Pro 390 | Lys | Gln | Arg | Thr | Pro 395 | Glu | Ala | Leu | Gln | Arg 400 |
| Ala | Ala | Asp | Ala | Met 405 | Arg | Arg | Leu | Asp | Arg 410 | Arg | Ala | Phe | Arg | Gly | Gly 415 |
| Phe | Ile | Leu | Glu 420 | Lys | Ile | Leu | Gly | Pro 425 | Val | Ser | Thr | Gly | His 430 | Val | Glu |
| Leu | Arg | Thr 435 | Thr | Asp | Pro | Arg | Ala 440 | Asn | Pro | Ala | Val | Leu | Phe | Asn | Tyr 445 |
| Phe 450 | Gln | Glu | Ala | Glu | Asp | Leu 455 | Glu | Arg | Cys | Val | Arg 460 | Gly | Ile | Gln | Thr |
| Ile 465 | Glu | Arg | Val | Ile | Ala 470 | Ser | Arg | Ala | Phe | Ser 475 | Asn | Phe | Thr | Tyr | Ser 480 |
| Asn | Ala | Ser | Val | Glu 485 | Ser | Ile | Phe | Ser | Asp 490 | Ser | Ala | Asn | Phe | Pro | Val 495 |
| Asn | Leu | Leu | Pro 500 | Arg | His | Ala | Asn | Asp 505 | Ser | Arg | Ser | Pro | Glu | Gln | Tyr 510 |
| Cys | Arg | Glu 515 | Thr | Val | Met | Thr | Ile 520 | Trp | His | Tyr | His | Gly 525 | Gly | Cys | His |
| Val 530 | Gly | Ala | Val | Val | Asp | Asp 535 | Asp | Tyr | Arg | Val | Phe 540 | Gly | Val | Arg | Gly |
| 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
<212> ADN
<213> artificial

<400> 24

atggcctcct ccgagaacgt gatcaccgag ttcattgctg tcaaggtgct catggagggc 60
accgtgaacg gccacgagtt cgagatcgag ggcgagggcg agggccgccc ctacgagggc 120
cacaacaccg tgaagctgaa ggtgaccaag ggcggccccc tgccttcgct ctgggacatc 180
ctgtcccccc agttccagta cggctccaag gtgtacgtga agcaccctgc cgacatcccc 240
gactacaaga agctgtcctt ccccgagggc ttcaagtggg agcgcgtgat gaacttcgag 300
gacggcggcg tggccaccgt gacccaggac tcctccctgc aggacggtg ctatcatctac 360
aaggtgaagt tcatcggcgt gaacttcccc tccgacggcc ccgtgatgca gaagaagacc 420
atgggctggg aggcctccac cgagcgcctg taccctcgcg acggcgtgct gaagggcgag 480
accacacaagg ccctgaagct gaaggacggc ggccactacc tgggtggagtt caagtccatc 540
tacatggcca agaagcccgt gcagctgccc ggctactact acgtggacgc caagctggac 600
atcacctccc acaacgagga ctacaccatc gtggagcagt acgagcgac cgagggccgc 660
caccacctgt tcctgtag 678

<210> 25
<211> 812
<212> ADN
<213> *Hordeum vulgare*

<400> 25

ES 2 913 136 T3

aaccgtctct tcgtgagaat aaccgtggcc taaaaataag ccgatgagga taaataaaat 60
 gtggttggtac agtacttcaa gaggtttact catcaagagg atgcttttcc gatgagctct 120
 agtagtacat cggacctcac atacctccat tgtggtgaaa tattttgtgc tcatttagtg 180
 atgggtaaat tttgtttatg tcaactctagg ttttgacatt tcagttttgc cactcttagg 240
 ttttgacaaa taatttccat tccgcggcaa aagcaaaaca attttatattt acttttacca 300
 ctcttagctt tcacaatgta tcacaaatgc cactctagaa attctgttta tgccacagaa 360
 tgtgaaaaaa aacactcact tatttgaagc caaggtgttc atggcatgga aatgtgacat 420
 aaagtaacgt tcgtgtataa gaaaaaattg tactcctcgt aacaagagac ggaaacatca 480
 tgagacaatc gcgtttggaa ggctttgcat cacctttgga tgatgcgcat gaatggagtc 540
 gtctgcttgc tagccttcgc ctaccgcca ctgagtcggg gcggcaacta ccatcggcga 600
 acgaccagc tgacctctac cgaccggact tgaatgcgct accttcgtca gcgacgatgg 660
 ccgcgtacgc tggcgacgtg ccccgcatg catggcgga catggcgagc tcagaccgtg 720
 cgtggctggc tacaaatagc taccctgtga gtgccctagc tagaaactta cacctgcaac 780
 tgcgagagcg agcgtgtgag tgtagccgag ta 812

<210> 26
 <211> 349
 <212> ADN
 <213> *Solanum tuberosum*
 <400> 26

ttcgaacgcg taggtaccac atgggtaacc tagacttgtc catcttctgg attggccaac 60
 ttaattaatg tatgaaataa aaggatgcac acatagtgac atgctaataca ctataatgtg 120
 ggcatcaaag ttgtgtgtta tgtgtaatta ctagttatct gaataaaaga gaaagagatc 180
 atccatatatt cttatcctaa atgaatgtca cgtgtcttta taattctttg atgaaccaga 240
 tgcatttcat taaccaaata catatacata taaatatataa tcatatataa ttaatatcaa 300
 ttgggttagc aaaacaaata tagtctaggt gtgttttgcg aatgcggcc 349

<210> 27
 <211> 2023
 <212> ADN
 <213> *Oryza sativa indica*
 <400> 27

ES 2 913 136 T3

| | |
|---|-----|
| atggcagcac ttggccgcgc gagctcgtcg gcgccgggtgc ttgccgccgc cgccgccgcc | 60 |
| gccgtgctcc tctcgctctg cctcgccgcg ctctcggaag agcaaggtgc gtaaacgttg | 120 |
| cgttgatatct ttgcgttgat gcgtgttgcg tcgtcgtcgt gtatcatggcg tgcgatggcg | 180 |
| ttgtgcagag caactggaga acctgcggtt cgtgcggcac gcgcaggacg cgccgctggt | 240 |
| gtcgagctac aactacatcg tcatcggcgg cggcacggcg gggtgcccgc tggcggcgac | 300 |
| gctgtcggag cactcgcgcg tgctgctgct ggagcgcggc ggcctgccgt acgccaacat | 360 |
| gtcgagcgag cagcacttca cggacgcgct ggccgacacg tcgccggcgt cgccggcgca | 420 |
| gcggttcatc tcggaggacg gcgtggtgaa cgcccgggcg cgggtgctcg gcggcgggag | 480 |
| ctgcctcaac gccgggttct acacgcgggc gagcaacgag tacgtgcgcg ccgccgggtg | 540 |
| ggacgcgcgg ctggtgaact cgtcgtaccg gtgggtggag cgctcgctgg tggtccgccc | 600 |
| cgacgtgccg ccgtggcagg cggcgctccg cgacgcgctg ctcgaggtcg gcgtcacgcc | 660 |
| cgacaacggc ttcaccttcg accacgtcac cggcaccaag atcggcggca ccatcttcga | 720 |

ES 2 913 136 T3

| | | | | | | |
|------------|-------------|------------|------------|-------------|-------------|------|
| caactccggc | cagcgccaca | ccgcccgcga | cttcctccgc | cacgcccgc | cccgcggcct | 780 |
| caccgtcctc | ctctacgcca | ccgtctcccg | tatcctcttc | aaaagccaag | gtacacagct | 840 |
| acgatgaaaa | tggaaaatgt | gctgtgcgcc | gaagaagctt | gacctcacga | cggcgagctt | 900 |
| ttgccatggc | gtgcagacgg | ggtgccgtac | ccggtggcgt | acgggggtgt | gttctcggac | 960 |
| ccgctggggg | tgcagcaccg | ggtgtacctc | cgcgacggcg | acaagaacga | ggtgatcgtg | 1020 |
| tcggcgggga | cgctggggag | cccgcagctg | ctgatgctga | gcggcgctcg | gccgcaggcg | 1080 |
| cacctggagg | cgcacggcat | cgaggtgatc | gtggaccaac | ccatggctcg | gcagggcgctc | 1140 |
| gccgacaacc | cgatgaactc | ggtgttcctc | ccgtcgccgg | tgccgggtga | gctctccctg | 1200 |
| gtgcaggctc | tcggcatcac | ccgctccggc | agcttcctcg | aggggggtgag | cgggctcggag | 1260 |
| ttcggcatgc | cggtgtcggg | cggcgcgctc | cggtgggcgc | gcagcttcgg | gatgctgtcg | 1320 |
| ccgcagacgg | ggcagctcgg | cacgctgccg | ccgaagcaga | ggacgccgga | ggcgctgcag | 1380 |
| cgggcgggcg | aggcgatgat | gcccgtggac | aggagggcgt | tccggggagg | cttcctccctg | 1440 |
| gagaagatcc | tcgggcccggt | gtcctccggc | cacgtcgagc | tgcaaacac | cgacccgagg | 1500 |
| gcgaaccctg | cggtgacgtt | caactacttc | cgcgaggcgg | aggatctgga | gcggtgcgtc | 1560 |
| catggcatcg | agacgatcga | gcccgtgatc | cagtcgcggg | ccttctccaa | cttcacctac | 1620 |
| gccaacgcct | ccgtcgagtc | catcttcacc | gattccgcca | acttccccgt | caacctgctg | 1680 |
| ccgcgccatg | tcaacgactc | gcgctcgccg | gagcagtact | gcatggacac | cgatcatgacc | 1740 |
| atctggcact | accacggcgg | ctgccatgtc | ggcgccgtcg | tcgacgacga | ttaccgggtg | 1800 |
| ttcgggggtg | aggggctcag | ggtgatcgac | agctccacct | tcaagtactc | ccccggcacc | 1860 |
| aacctcagg | ccaccgtcat | gatgctcggc | aggtaactgg | catcatttta | gctcatgaaa | 1920 |
| gtgcattgcc | atgagtaaca | acacactaac | agtatagttt | tcaatatgga | cactgggcag | 1980 |
| gtatatgggt | gtgaagattc | agtccgagag | atggaagaaa | tga | | 2023 |

<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 gtcttttagag tttagagtag attttatttg caccactta atttttactc | 120 |
| ttctctagac atagggtcag tatctgcttg ttgattatgt aaccttgaag aagcattgca | 180 |
| aaaacaaagc ggaaacttat gttaccaagg gcatgacgaa gaaataaatg gattagattt | 240 |
| cattgacact tagaaaatgg aaccagcaaa tcaaggctga aaataattac actagaaact | 300 |
| tattttaatg gctttacatg tcgctacata cttaaatacaa tcaaagttgc taccaaagcc | 360 |
| atgttcccta aacagagggg tccgggctct caaacattct taatcttcta tacattgata | 420 |
| aaaagtatac ataaaaagaa aacctattaa gatggaaatg ttgaattctc ttaagaaagg | 480 |
| cataaaaaat gcagggt | 497 |

<210> 29
 <211> 1488
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*
 <400> 29

5

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| atggcggcga caatggcagt gacgacgatg gtgacgagga gcaaggagag ctggctcgtca | 60 |
| ttgcaggtcc cggcggtggc attcccttgg aagccacgag gtggcaagac cggcggcctc | 120 |
| gagttccctc gccgggcgat gttcgccagc gtcggcctca acgtgtgccc gggcgtcccc | 180 |
| gcggggcgcg acccgcgga gccgatccc aaggtcgtcc gggcggcctg cggcctggtc | 240 |
| caggcacaag tcctcttcca ggggtttaac tgggagtcgt gcaagcagca gggaggctgg | 300 |
| tacaacaggc tcaaggccca ggtcgacgac atcgccaagg ccggcgtcac gcacgtctgg | 360 |
| ctgcctccac cctcgactc cgtctcgcca caaggctaca tgccaggccg cctatacgac | 420 |
| ctggacgctt ccaagtacgg cagggcgggc gagctcaagt ccctgatagc ggcgttccac | 480 |
| ggcagggggc tgagtgctg ggcggacatc gtcaccaacc accggtgcgc ggaaaagaag | 540 |
| gacgcgcgcg gcgtgtactg catcttcgag ggcgggactc ccgacgaccg cctggactgg | 600 |
| ggccccggga tgatctgcag cgacgacacg cagtactcgg acgggacggg gcaccgcgac | 660 |
| acgggagagg ggttcgcggc ggcgcccac atcgaccacc tcaaccgcgc cgtgcagcgg | 720 |
| gagctctccg cctggctcaa ctggctcagg tccgacgccg tggggttcga cggctggcgc | 780 |
| ctcgacttcg ccaagggtta ctcgccggcc gtcgccagaa tgtacgtgga gagcacgggg | 840 |
| ccgccgagct tcgtcgtcgc ggagatatgg aactcgctga gctacagcgg ggacggcaag | 900 |
| ccggcgccca accaggacca gtgccggcag gagctgctgg actggacgcg ggccgtcggc | 960 |
| ggggccgcca tggcgttcga cttccccacc aagggcctgc tgcaggcggg cgtgcagggg | 1020 |
| gagctgtggc ggctgcgcga cagctccggc aacgcggccg gcctgatcgg gtgggcgcc | 1080 |
| gagaaggccg tcaccttcgt cgacaaccat gacaccgggt cgacgcagaa gctctggccg | 1140 |
| ttcccatccg acaagggtcat gcagggtac gcctacatcc tcacccatcc aggagtcccc | 1200 |
| tgcattttct acgaccacat gttcgactgg aacctgaagc aggagatatc cacgctgtct | 1260 |
| gccatcaggg cgcggaacgg catccgcgcc gggagcaagc tgcggatcct cgtggcggac | 1320 |
| gcggacgcgt acgtggccgt cgtcgacgag aaggtcatgg tgaagatcgg gacaaggtag | 1380 |
| ggcgtgagca gcgtggtccc gtcggatttc caccggcgcg cgcacggcaa ggactactgc | 1440 |
| gtctgggaga aagcgagcct ccgcgtcccg gcggggcgcc acctctag | 1488 |

<210> 30
 <211> 2737
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

<400> 30

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|------|
| tgcaccggac actgtctggt ggcataccag acagtccggt gtgccagatc agggcaccct | 60 |
| tcggttcctt tgctcctttg cttttgaacc ctaactttga tcgtttattg gtttgtgttg | 120 |
| aacctttatg cacctgtgga atatataatc tagaacaac tagttagtcc aatcatttgt | 180 |
| gttgggcatt caaccaccaa aattatttat aggaaaagg taaaccttat ttccctttca | 240 |
| atctccccct ttttggatgat tgatgccaac acaaaccaa gaaaatatat aagtgcagaa | 300 |
| ttgaactagt ttgcataagg taagtgcata ggttacttag aattaaatca atttatactt | 360 |
| ttacttgata tgcattggtt ctttctttta ttttaacatt ttggaccaca ttgaccac | 420 |
| ttgttttggt ttttgcaaat ctttttgga attctttttc aaagtctttt gcaaatagtc | 480 |
| aaaggtatat gaataagatt gtaagaagca ttttcaagat ttgaaatttc tccccctgtt | 540 |
| tcaaatgctt ttcctttgac taaacaaaac tccccctgaa taaaattctc ctcttagctt | 600 |
| tcaagagggt tttaaataga tatcaattgg aaatatattt agatgctaata tttgaaaata | 660 |
| taccaattga aaatcaacat accaatttga aattaaacat accaatttaa aaaatttcaa | 720 |
| aaagtgggtg tgcggtcctt ttgctttggg cttaatatatt cttccccctt ggcatatac | 780 |
| gccaaaaacg gagactttgt gagccattta tactttctcc ccattggtaa atgaaatatg | 840 |
| agtgaagat tataccaaat ttggacagtg atgcggagtg acggcgaagg ataaacgata | 900 |
| ccgttagagt ggagtggaag ccttgtcttc gccgaagact ccatttccct ttcaatctac | 960 |
| gacttagcat agaaatacac ttgaaaacac attagtcgta gccacgaaag agatatgatc | 1020 |
| aaaggtatac aaatgagcta tgtgtgtaat gtttcaatca aagtttcgag aatcaagaat | 1080 |
| atttagctca ttcctaagtt tgctaaagg tttatcatct aatggtttg taaagatatc | 1140 |
| gactaattgt tctttggtgc taacataagc aatctcgata tcaccccttt gttggtgatc | 1200 |
| cctcaaaaag tgataccgaa tgtctatgtg cttagtgcgg ctgtgttcaa cgggattatc | 1260 |
| cgccatgcag atagcactct cattgtcaca taggagaggg actttgctca atttgtagcc | 1320 |
| atagtcccta aggttttgcc tcatccaaag taattgcaca caacaatgtc ctgcggcaat | 1380 |
| atacttggct tcggcggtag aaagagctat tgagttttgt ttctttgaag tccaagacac | 1440 |
| cagggatctc cctagaaaact gacaagtccc tgatgtgctc ttcctatcaa ttttacaccc | 1500 |
| tgcccaatcg gcatctgaat atcctattaa atcaaagggt gatcccttg ggtaccaaag | 1560 |
| accaaattta ggagtgtaaa ctaaatatct catgattctt ttcacggccc taaggtgaac | 1620 |
| ttccttagga tcggcttgga atcttgaca catgcatata gaaagcatac tatctggtcg | 1680 |

ES 2 913 136 T3

```

agatgcacat aaatagagta aagatcctat catcgaccgg tatacctttt ggtctacgga 1740
tttacctccc gtgtcgaggt cgagatgccc attagttccc atgggtgtcc tgatgggctt 1800
ggcatccttc attccaaact tgttgagtat gtcttgaatg tactttgttt ggctgatgaa 1860
ggtgccatct tggagttgct tgacttgaaa tcctagaaaa tatttcaact tccccatcat 1920
agacatctcg aatttcggaa tcatgatcct actaaactct tcacaagtag atttgttagt 1980
agacccaaat ataatatcat caacataaat ttggcataca aacaaaactt ttgaaatggt 2040
tttagtaaag agagtaggat cggctttact gactctgaag ccattagtga taagaaaatc 2100
tcttaggcat tcataccatg ctggtggggc ttgcttgagc ccataaagcg cctttgagag 2160
tttataaaca tggttagggt actcactatc ttcaaagccg agaggttgct caacatagac 2220
ctattcacc cttttgatca cttttttggt ccttcaggat ctaatagtta tgtataattt 2280
agagtctctt gtttaatggc cagatatttc taattaatct aagaatttat gatatttttt 2340
aattttttat catgtctgat gagaattaac ataaaggctc aattgggtcc tgaattaata 2400
atagagtga aattaatcca gaggctctat tagaaccttc aattagtaat accaagatat 2460
atataagata gtagagtata gtttaaagt ttggcattgtt cattctttct tttgttattt 2520
aatttatgct ttccacggtg gttagtgggt acttctgaag ggtccaaata atgcatgaag 2580
agtttgagga caagaagtct gccctaaaaa tagcgatgca aaggcatggt gtccaagcca 2640
tacatatagc gactaattt tatcagcaga acaatgggat ttatagggtcc tagtgcccag 2700
gcaacaagag acacgaataa agcatcgatc acgacac 2737

```

<210> 31
 <211> 225
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

<400> 31

```

atggcggcga caatggcagt gacgacgatg gtgacgagga gcaaggagag ctggtcgtca 60
ttgcagggtcc cggcgggtggc attcccttgg aagccacgag gtggcaagac cggcggcctc 120
gagttccctc gccgggcat gttcgccagc gtcggcctca acgtgtgccc gggcgtcccg 180
gcggggcgcg acccgcgga gcccgatccc aaggtcgtcc gggcg 225

```

<210> 32
 <211> 348
 <212> ADN
 <213> *Zea mays*

<400> 32

ES 2 913 136 T3

| | |
|--|-----|
| gatctgacaa agcagcatta gtccgttgat cgggtggaaga ccactcgtca gtgttgagtt | 60 |
| gaatgtttga tcaataaaat acggcaatgc tgtaagggtt gttttttatg ccattgataa | 120 |
| tacactgtac tgttcagttg ttgaactcta tttcttagcc atgccaagtg cttttcttat | 180 |
| tttgaataac attacagcaa aaagttgaaa gacaaaaaaaa aaaacccccg aacagagtgc | 240 |
| tttgggtccc aagctacttt agactgtgtt cggcggtccc cctaaatttc tccccctata | 300 |
| tctcactcac ttgtcacatc agcgttctct tccccctata tctccacg | 348 |

| | | |
|----|---|----|
| 5 | <210> 33 <211> 20 <212> ADN <213> artificial | |
| 10 | <400> 33 gcctcaccgt cctcctctac | 20 |
| 15 | <210> 34 <211> 18 <212> ADN <213> artificial | |
| 20 | <400> 34 cgggtccgag aacaccac | 18 |
| 25 | <210> 35 <211> 20 <212> ADN <213> artificial | |
| 30 | <400> 35 gctatgtacg tcgccatcca | 20 |
| 35 | <210> 36 <211> 21 <212> ADN <213> artificial | |
| 40 | <400> 36 ggacagtgtg gctgacacca t | 21 |
| 45 | <210> 37 <211> 25 <212> ADN <213> artificial | |
| 50 | <400> 37 ggatccggat ttcgaggatc aagct | 25 |
| | <210> 38 <211> 25 <212> ADN <213> artificial | |
| | <400> 38 gtcgactttc gccgggcaaa ttcgc | 25 |
| | <210> 39 <211> 27 <212> ADN | |

ES 2 913 136 T3

| | | |
|----|-------------------------------|----|
| | <213> artificial | |
| | <400> 39 | |
| 5 | gtttaaacgg atttcgagga tcaagct | 27 |
| | <210> 40 | |
| | <211> 25 | |
| 10 | <212> ADN | |
| | <213> artificial | |
| | <400> 40 | |
| | ggatccaccc tgcattttt atgcc | 25 |
| 15 | | |
| | <210> 41 | |
| | <211> 16 | |
| | <212> ADN | |
| 20 | <213> artificial | |
| | <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.
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.
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.
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.
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.

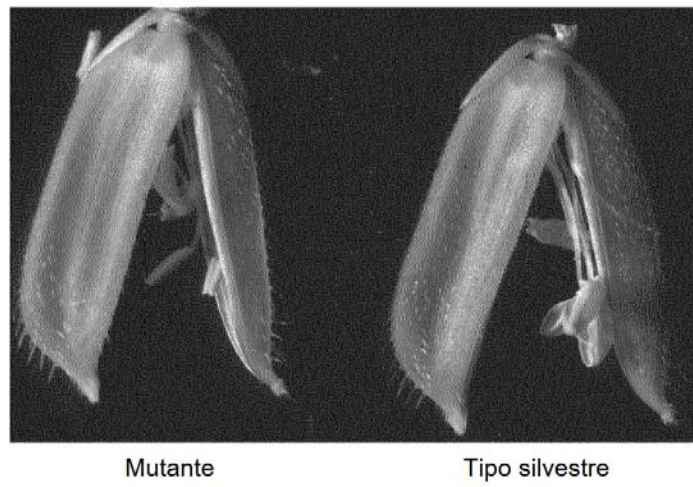


Fig.1

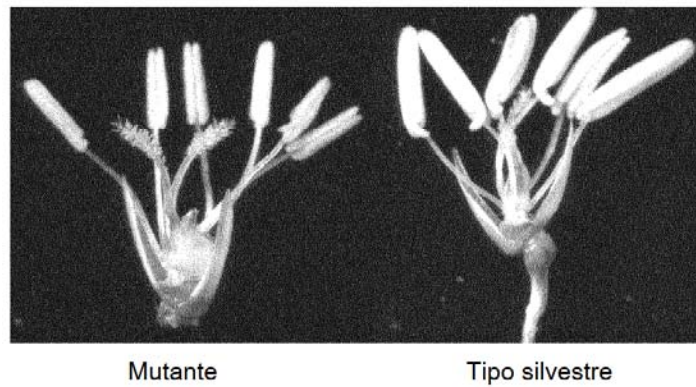


Fig.2

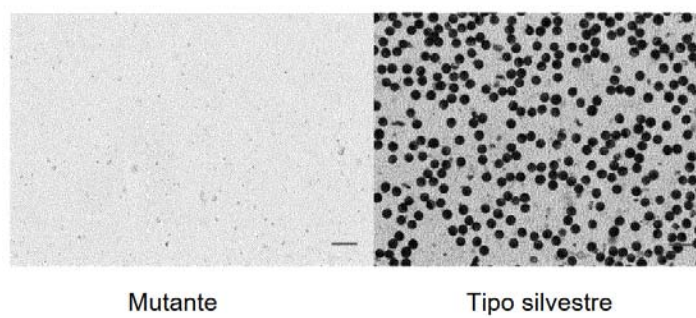


Fig.3

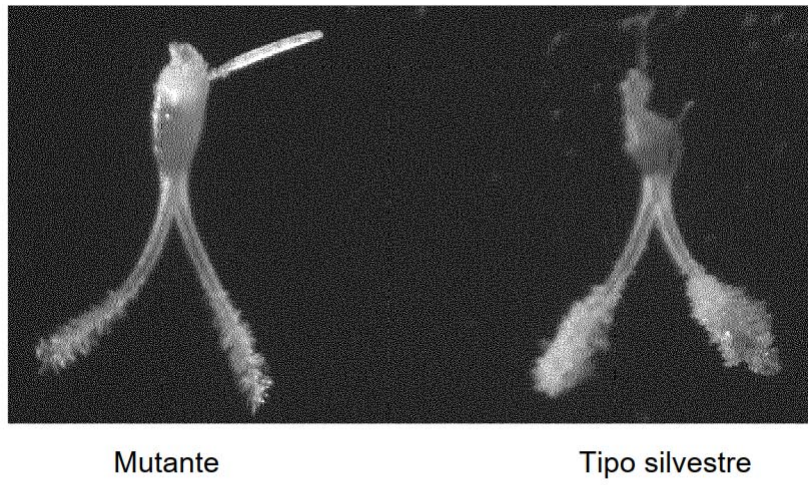


Fig.4

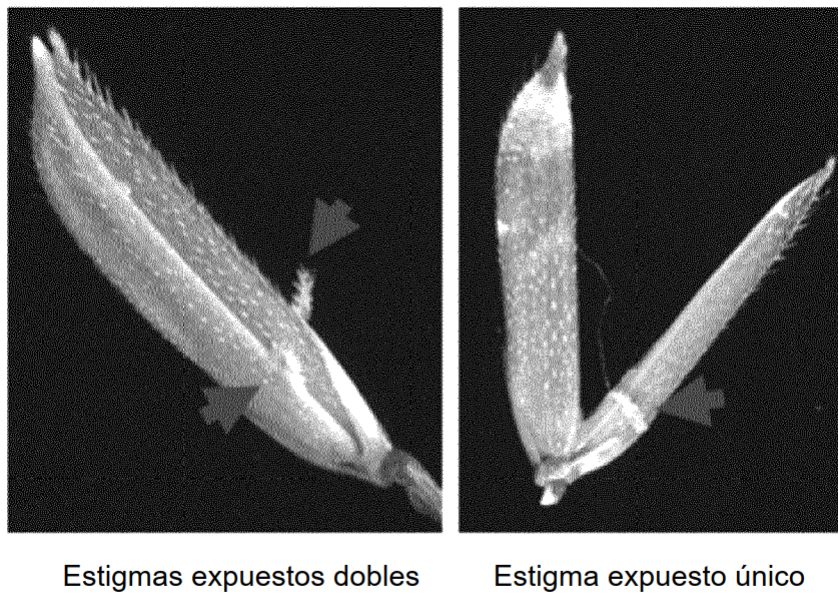


Fig.5

ES 2 913 136 T3

```

      *      20      *      40      *      60
HHZ : ATGGCAGCACTTGGCCGCGCGAGCTCGTCGGCGCGCGGTGCTTGCCGCGCGCGCCCGCGG : 60
Mutante : ATGGCAGCACTTGGCCGCGCGAGCTCGTCGGCGCGCGGTGCTTGCCGCGCGCGCCCGCGG : 60
Nip : ATGGCAGCACTTGGCCGCGCGAGCTCGTCGGCGCGCGGTGCTTGCCGCGCGCGCCCGG----- : 55
      ATGGCAGCACTTGGCCGCGCGAGCTCGTCGGCGCGCGGTGCTTGCCGCGCGCGCCCGGcgc

      *      80      *      100      *      120
HHZ : GCGGTGCTCCTCTCGCTCTGCCTCGCCGCGCTCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC : 120
Mutante : GCGGTGCTCCTCTCGCTCTGCCTCGCCGCGCTCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC : 120
Nip : -CCGTGCTCCTCTCGCTCTGCCTCGCCGCGCTCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC : 114
      gCGGTGCTCCTCTCGCTCTGCCTCGCCGCGCTCTCGGAAGAGCAAGAGCAACTGGAGAAC

      *      140      *      160      *      180
HHZ : CTGCGGTTCGTGCGGCACGCGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGCGAGCTACAACCTACATCGTC : 180
Mutante : CTGCGGTTCGTGCGGCACGCGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGCGAGCTACAACCTACATCGTC : 180
Nip : CTGCGGTTCGTGCGGCACGCGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGCGAGCTACAACCTACATCGTC : 174
      CTGCGGTTCGTGCGGCACGCGCAGGACGCGCCGCTGGTGTGCGAGCTACAACCTACATCGTC

      *      200      *      220      *      240
HHZ : ATCGGCGCGCGGCACGGCGGGGTGCCCGCTGGCGGCGACGCTGTCGGAGCACTCGCGCGTG : 240
Mutante : ATCGGCGCGCGGCACGGCGGGGTGCCCGCTGGCGGCGACGCTGTCGGAGCACTCGCGCGTG : 240
Nip : ATCGGCGCGCGGCACGGCGGGGTGCCCGCTGGCGGCGACGCTGTCGGAGCACTCGCGCGTG : 234
      ATCGGCGCGCGGCACGGCGGGGTGCCCGCTGGCGGCGACGCTGTCGGAGCACTCGCGCGTG

      *      260      *      280      *      300
HHZ : CTGCTGCTGGAGCGCGCGCGGCTGCCGTACGCCAACATGTGCGAGCGAGCAGCACTTCACG : 300
Mutante : CTGCTGCTGGAGCGCGCGCGGCTGCCGTACGCCAACATGTGCGAGCGAGCAGCACTTCACG : 300
Nip : CTGCTGCTGGAGCGCGCGCGGCTGCCGTACGCCAACATGTGCGAGCGAGCAGCACTTCACG : 294
      CTGCTGCTGGAGCGCGCGCGGCTGCCGTACGCCAACATGTGCGAGCGAGCAGCACTTCACG

      *      320      *      340      *      360
HHZ : GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGCGCTCGCCGCGCGCAGCGGTTCACTCTCGGAGGACGGC : 360
Mutante : GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGCGCTCGCCGCGCGCAGCGGTTCACTCTCGGAGGACGGC : 360
Nip : GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGCGCTCGCCGCGCGCAGCGGTTCACTCTCGGAGGACGGC : 354
      GACGCGCTGGCCGACACGTCGCCGCGCTCGCCGCGCGCAGCGGTTCACTCTCGGAGGACGGC

      *      380      *      400      *      420
HHZ : GTGGTGAACGCCCGGGCGCGGCTGCTCGGCGCGGGAGCTGCCTCAACGCCGGGTTCTAC : 420
Mutante : GTGGTGAACGCCCGGGCGCGGCTGCTCGGCGCGGGAGCTGCCTCAACGCCGGGTTCTAC : 420
Nip : GTGGTGAACGCCCGGGCGCGGCTGCTCGGCGCGGGAGCTGCCTCAACGCCGGGTTCTAC : 414
      GTGGTGAACGCCCGGGCGCGGCTGCTCGGCGCGGGAGCTGCCTCAACGCCGGGTTCTAC

      *      440      *      460      *      480
HHZ : ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCGCGCGGGTGGGACGCGCGGCTGGTGAACCTCG : 480
Mutante : ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCGCGCGGGTGGGACGCGCGGCTGGTGAACCTCG : 480
Nip : ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCGCTCCGGGTGGGACGCGCGGCTGGTGAACCTCG : 474
      ACGCGGGCGAGCAACGAGTACGTGCGCGCGCGCGGGTGGGACGCGCGGCTGGTGAACCTCG

      *      500      *      520      *      540
HHZ : TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCCGACGTGCCGCCGTGGCAGGGCG : 540
Mutante : TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCCGACGTGCCGCCGTGGCAGGGCG : 540
Nip : TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCCGACGTGCCGCCGTGGCAGGGCG : 534
      TCGTACCGGTGGGTGGAGCGCTCGCTGGTGTTCGCCCCGACGTGCCGCCGTGGCAGGGCG

      *      560      *      580      *      600
HHZ : GCGCTCCGCGACGCGCTGCTCGAGGTGCGGCGTCACGCCGACAACGGCTTACCTTCGAC : 600
Mutante : GCGCTCCGCGACGCGCTGCTCGAGGTGCGGCGTCACGCCGACAACGGCTTACCTTCGAC : 600
Nip : GCGCTCCGCGACGCGCTGCTCGAGGTGCGGCGTCACGCCGACAACGGCTTACCTTCGAC : 594
      GCGCTCCGCGACGCGCTGCTCGAGGTGCGGCGTCACGCCGACAACGGCTTACCTTCGAC

      *      620      *      640      *      660
HHZ : CACGTACCGGGACCAAGATCGGCGGCACCATCTTCGACAACCTCCGGCCAGCGCCACACC : 660
Mutante : CACGTACCGGGACCAAGATCGGCGGCACCATCTTCGACAACCTCCGGCCAGCGCCACACC : 660
Nip : CACGTACCGGGACCAAGATCGGCGGCACCATCTTCGACAACCTCCGGCCAGCGCCACACC : 654
      CACGTACCGGGACCAAGATCGGCGGCACCATCTTCGACAACCTCCGGCCAGCGCCACACC

```


ES 2 913 136 T3

```

      *           680           *           700           *           720
HHZ : GCGCGCGACTTCCTCCGCCACGCCCGCCCCCGCGGCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC : 720
Mutante : GCGCGCGACTTCCTCCGCCACGCCCGCCCCCGCGGCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC : 720
Nip : GCGCGCGACTTCCTCCGCCACGCCCGCCCCCGCGGCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC : 714
      GCGCGCGACTTCCTCCGCCACGCCCGCCCCCGCGGCCTCACCGTCTCCTCTACGCCACC

      *           740           *           760           *           780
HHZ : GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG : 780
Mutante : GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG : 780
Nip : GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG : 774
      GTCTCCCGTATCCTCTTCAAAAGCCAAGACGGGGTGCCGTACCCGGTGGCGTACGGGGTG

      *           800           *           820           *           840
HHZ : GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAGCACCGGGTGTAACCTCCGCGACGGCGACAAGAAC : 840
Mutante : GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAGCACCGGGTGTAACCTCCGCGACGGCGACAAGAAC : 840
Nip : GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAGCACCGGGTGTAACCTCCGCGACGGCGACAAGAAC : 834
      GTGTTCTCGGACCCGCTGGGGGTGCAGCACCGGGTGTAACCTCCGCGACGGCGACAAGAAC

      *           860           *           880           *           900
HHZ : GAGGTGATCGTGTCGGCGGGGACGCTGGGGAGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGCGTC : 900
Mutante : GAGGTGATCGTGTCGGCGGGGACGCTGGGGAGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGCGTC : 900
Nip : GAGGTGATCGTGTCGGCGGGGACGCTGGGGAGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGCGTC : 894
      GAGGTGATCGTGTCGGCGGGGACGCTGGGGAGCCCGCAGCTGCTGATGCTGAGCGGCGTC

      *           920           *           940           *           960
HHZ : GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC : 960
Mutante : GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC : 960
Nip : GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC : 954
      GGGCCGCAGGCGCACCTGGAGGCGCACGGCATCGAGGTGATCGTGGACCAACCCATGGTC

      *           980           *           1000           *           1020
HHZ : GGGCAGGGCGTCGCCGACAACCCGATGAACTCGGTGTTTCATCCCGTCGCCGGTGCCGGTG : 1020
Mutante : GGGCAGGGCGTCGCCGACAACCCGATGAACTCGGTGTTTCATCCCGTCGCCGGTGCCGGTG : 1020
Nip : GGGCAGGGCGTCGCCGACAACCCGATGAACTCGGTGTTTCATCCCGTCGCCGGTGCCGGTG : 1014
      GGGCAGGGCGTCGCCGACAACCCGATGAACTCGGTGTTTCATCCCGTCGCCGGTGCCGGTG

      *           1040           *           1060           *           1080
HHZ : GAGCTCTCCCTGGTGCAGGTTCGTCGGCATCACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG : 1080
Mutante : GAGCTCTCCCTGGTGCAGGTTCGTCGGCATCACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG : 1080
Nip : GAGCTCTCCCTGGTGCAGGTTCGTCGGCATCACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG : 1074
      GAGCTCTCCCTGGTGCAGGTTCGTCGGCATCACCCGCTCCGGCAGCTTCATCGAGGGGGTG

      *           1100           *           1120           *           1140
HHZ : AGCGGGTCGGAGTTCGGCATGCCGGTGTTCGGACGGCGCGCTCCGGTGGGCGCGCAGCTTC : 1140
Mutante : AGCGGGTCGGAGTTCGGCATGCCGGTGTTCGGACGGCGCGCTCCGGTGGGCGCGCAGCTTC : 1140
Nip : AGCGGGTCGGAGTTCGGCATGCCGGTGTTCGGACGGCGCGCTCCGGTGGGCGCGCAGCTTC : 1134
      AGCGGGTCGGAGTTCGGCATGCCGGTGTTCGGACGGCGCGCTCCGGTGGGCGCGCAGCTTC

      *           1160           *           1180           *           1200
HHZ : GGGATGCTGTTCGCCGAGACGGGGCAGCTCGGCACGCTGCCGCCGAAGCAGAGGACGCCG : 1200
Mutante : GGGATGCTGTTCGCCGAGACGGGGCAGCTCGGCACGCTGCCGCCGAAGCAGAGGACGCCG : 1200
Nip : GGGATGCTGTTCGCCGAGACGGGGCAGCTCGGCACGCTGCCGCCGAAGCAGAGGACGCCG : 1194
      GGGATGCTGTTCGCCGAGACGGGGCAGCTCGGCACGCTGCCGCCGAAGCAGAGGACGCCG

      *           1220           *           1240           *           1260
HHZ : GAGGCGCTGCAGCGGGCGGGCGGAGGCGATGATGCGGGCTGGACAGGAGGGCGTTCCGGGGA : 1260
Mutante : GAGGCGCTGCAGCGGGCGGGCGGAGGCGATGATGCGGGCTGGACAGGAGGGCGTTCCGGGGA : 1260
Nip : GAGGCGCTGCAGCGGGCGGGCGGAGGCGATGATGCGGGCTGGACAGGAGGGCGTTCCGGGGA : 1254
      GAGGCGCTGCAGCGGGCGGGCGGAGGCGATGATGCGGGCTGGACAGGAGGGCGTTCCGGGGA

      *           1280           *           1300           *           1320
HHZ : GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCCGGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACC : 1320
Mutante : GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCCGGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACC : 1320
Nip : GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCCGGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACC : 1314
      GGCTTCATCCTGGAGAAGATCCTCGGGCCGGGTGTCCTCCGGCCACGTCGAGCTGCGAACC

```

ES 2 913 136 T3

```

      *      1340      *      1360      *      1380
HHZ   : ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTCGGTGACGTTCAACTACTTCCGCGAGGCGGAGGATCTG : 1380
Mutante : ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTCGGTGACGTTCAACTACTTCCGCGAGGCGGAGGATCTG : 1380
Nip   : ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTCGGTGACGTTCAACTACTTCCGCGAGGCGGAGGATCTG : 1374
      ACCGACCCGAGGGCGAACCCGTCGGTGACGTTCAACTACTTCCGCGAGGCGGAGGATCTG

      *      1400      *      1420      *      1440
HHZ   : GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCGGGCCTTCTCC : 1440
Mutante : GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCGGGCCTTCTCC : 1440
Nip   : GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCGGGCCTTCTCC : 1434
      GAGCGGTGCGTCCATGGCATCGAGACGATCGAGCGGGTGATCCAGTCGCGGGCCTTCTCC

      *      1460      *      1480      *      1500
HHZ   : AACTTCACCTACGCCAACGCCTCCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC : 1500
Mutante : AACTTCACCTACGCCAACGCCTCCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC : 1500
Nip   : AACTTCACCTACGCCAACGCCTCCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC : 1494
      AACTTCACCTACGCCAACGCCTCCGTCGAGTCCATCTTCACCGATTCCGCCAACTTCCCC

      *      1520      *      1540      *      1560
HHZ   : GTCAACCTGCTGCCGCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC : 1560
Mutante : GTCAACCTGCTGCCGCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC : 1560
Nip   : GTCAACCTGCTGCCGCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC : 1554
      GTCAACCTGCTGCCGCGCCATGTCAACGACTCGCGCTCGCCGGAGCAGTACTGCATGGAC

      *      1580      *      1600      *      1620
HHZ   : ACCGTCATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCGGCGCCGTCGTCGACGAC : 1620
Mutante : ACCGTCATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCGGCGCCGTCGTCGACGAC : 1620
Nip   : ACCGTCATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCGGCGCCGTCGTCGACGAC : 1614
      ACCGTCATGACCATCTGGCACTACCACGGCGGCTGCCATGTCGGCGCCGTCGTCGACGAC

      *      1640      *      1660      *      1680
HHZ   : GATTACCGGGTGTTTCGGGGTGACAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC : 1680
Mutante : GATTACCGGGTGTTTCGGGGTGACAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC : 1680
Nip   : GATTACCGGGTGTTTCGGGGTGACAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC : 1674
      GATTACCGGGTGTTTCGGGGTGACAGGGGCTCAGGGTGATCGACAGCTCCACCTTCAAGTAC

      *      1700      *      1720      *      1740
HHZ   : TCCCCCGGCACCAACCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG : 1740
Mutante : TCCCCCGGCACCAACCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG : 1740
Nip   : TCCCCCGGCACCAACCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG : 1734
      TCCCCCGGCACCAACCCTCAGGCCACCGTCATGATGCTCGGCAGGTATATGGGTGTGAAG

      *      1760
HHZ   : ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1767
Mutante : ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1767
Nip   : ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA : 1761
      ATTCAGTCCGAGAGATGGAAGAAATGA

```

Fig.6

| | | |
|------------|--|-----|
| HHZ.seq | MAALGRASSSAFVLAAAAA AA AVLLSLCLAALSEEQEQLLENLRFVRHAQDAPLVSSYNYIV | 60 |
| Mutant.seq | MAALGRASSSAFVLAAAAA AA AVLLSLCLAALSEEQEQLLENLRFVRHAQDAPLVSSYNYIV | 60 |
| Nip.seq | MAALGRASSSAFVLAAAA -- AVLLSLCLAALSEEQEQLLENLRFVRHAQDAPLVSSYNYIV | 58 |
| HHZ.seq | IGGGTAGCPLAATLSEHSRVLLLERGGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFI SE DG | 120 |
| Mutant.seq | IGGGTAGCPLAATLSEHSRVLLLERGGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFI SE DG | 120 |
| Nip.seq | IGGGTAGCPLAATLSEHSRVLLLERGGGLPYANMSSEQHFTDALADTSPASPAQRFI SE DG | 118 |
| HHZ.seq | VVNARARVLGGGSCLNAGFYTRASNEYVRAAGWDARLVNSSYRWVERSLVFRPDVFPWQA | 180 |
| Mutant.seq | VVNARARVLGGGSCLNAGFYTRASNEYVRAAGWDARLVNSSYRWVERSLVFRPDVFPWQA | 180 |
| Nip.seq | VVNARARVLGGGSCLNAGFYTRASNEYVRASGWDARLVNSSYRWVERSLVFRPDVFPWQA | 178 |
| HHZ.seq | ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTG TK IGGTIFD NS GQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT | 240 |
| Mutant.seq | ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTG TK IGGTIFD NS GQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT | 240 |
| Nip.seq | ALRDALLEVGVIPDNGFTFDHVTG TK IGGTIFD NS GQRHTAADFLRHARPRGLTVLLYAT | 238 |
| HHZ.seq | VSRILFKSQDGVPPVAYGVVFS D PLGVQHRVYLRDGDKNEVIVSAGTLGSPQLLMLSGV | 300 |
| Mutant.seq | VSRILFKSQDGVPPVAYGVVFS D PLGVQHRVYLRDGDKNEVIVSAGTLGSPQLLMLSGV | 300 |
| Nip.seq | VSRILFKSQDGVPPVAYGVVFS D PLGVQHRVYLRDGDKNEVIVSAGTLGSPQLLMLSGV | 298 |
| HHZ.seq | GPQAHLEAHGIEVVDQPMVGQGVADNPMNSVFIPSPVPVELSLVQVVGITRSGSFIEGV | 360 |
| Mutant.seq | GPQAHLEAHGIEVVDQPMVGQGVADNPMNSVFIPSPVPVELSLVQVVGITRSGSFIEGV | 360 |
| Nip.seq | GPQAHLEAHGIEVVDQPMVGQGVADNPMNSVFIPSPVPVELSLVQVVGITRSGSFIEGV | 358 |
| HHZ.seq | SGSEFGMPVSDGALRWARSFGMLSPQTGQLGTLPPKQRTPEALQRAAEAMMRD RR AFRG | 420 |
| Mutant.seq | SGSEFGMPVSDGALRWARSFGMLSPQTGQLGTLPPKQRTPEALQRAAEAMMRD RR AFRG | 420 |
| Nip.seq | SGSEFGMPVSDGALRWARSFGMLSPQTGQLGTLPPKQRTPEALQRAAEAMMRD RR AFRG | 418 |
| HHZ.seq | GFILEKILGPVSSGHVELRTTDPRANPSVTFN Y FREAEDLERC V HGIETIERV I QSR A FS | 480 |
| Mutant.seq | GFILEKILGPVSSGHVELRTTDPRANPSVTFN Y FREAEDLERC V HGIETIERV I QSR A FS | 480 |
| Nip.seq | GFILEKILGPVSSGHVELRTTDPRANPSVTFN Y FREAEDLERC V HGIETIERV I QSR A FS | 478 |
| HHZ.seq | NFTYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVND S RSPEQYCMDIVMTIW H YHGGCHVGAVVDD | 540 |
| Mutant.seq | NFTYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVND S RSPEQYCMDIVMTIW H YHGGCHVGAVVDD | 540 |
| Nip.seq | NFTYANASVESIFTDSANFPVNLLPRHVND S RSPEQYCMDIVMTIW H YHGGCHVGAVVDD | 538 |
| HHZ.seq | DYRVFGVQGLRVIDSSTFKY S PGT N PQATVMMLGRYMGVKIQSER W KK | 588 |
| Mutant.seq | DYRVFGVQGLRVIDSSTFKY S PGT N PQATVMMLGRYMGVKIQSER W KK | 588 |
| Nip.seq | DYRVFGVQGLRVIDSSTFKY S PGT N PQATVMMLGRYMGVKIQSER W KK | 586 |

Fig.7

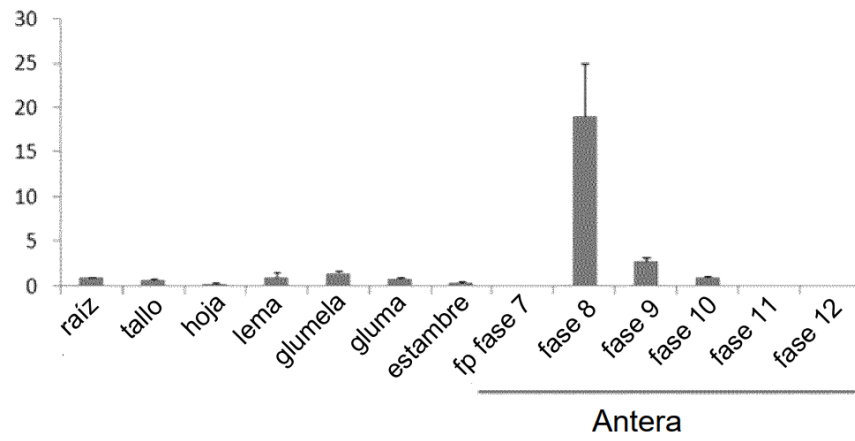


Fig.8

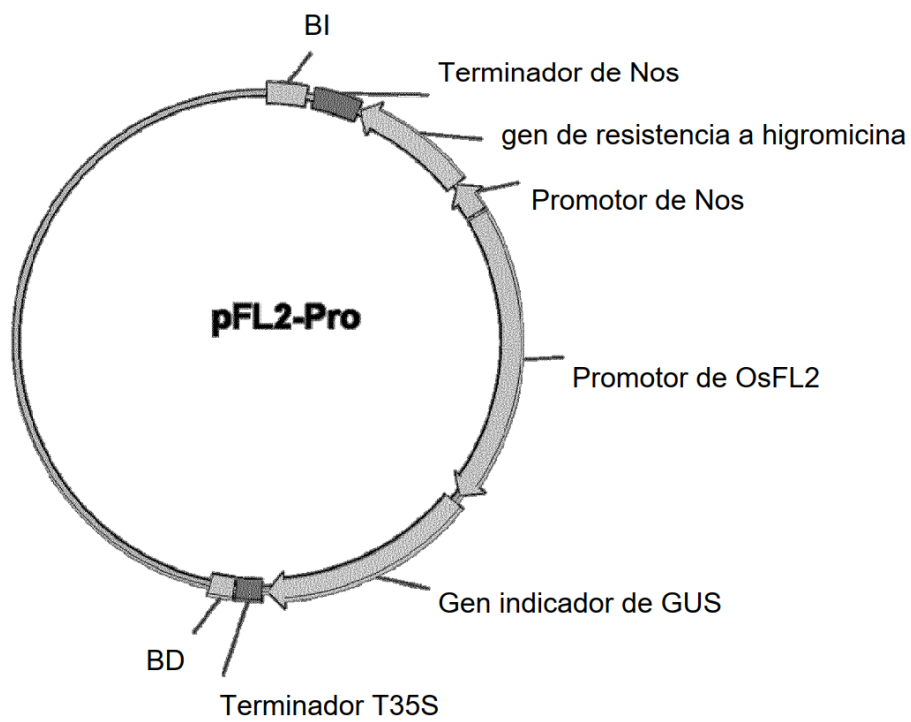


Fig.9

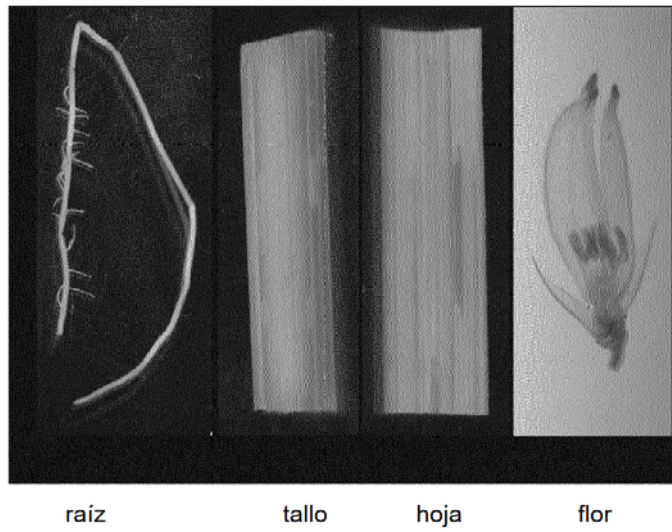


Fig.10

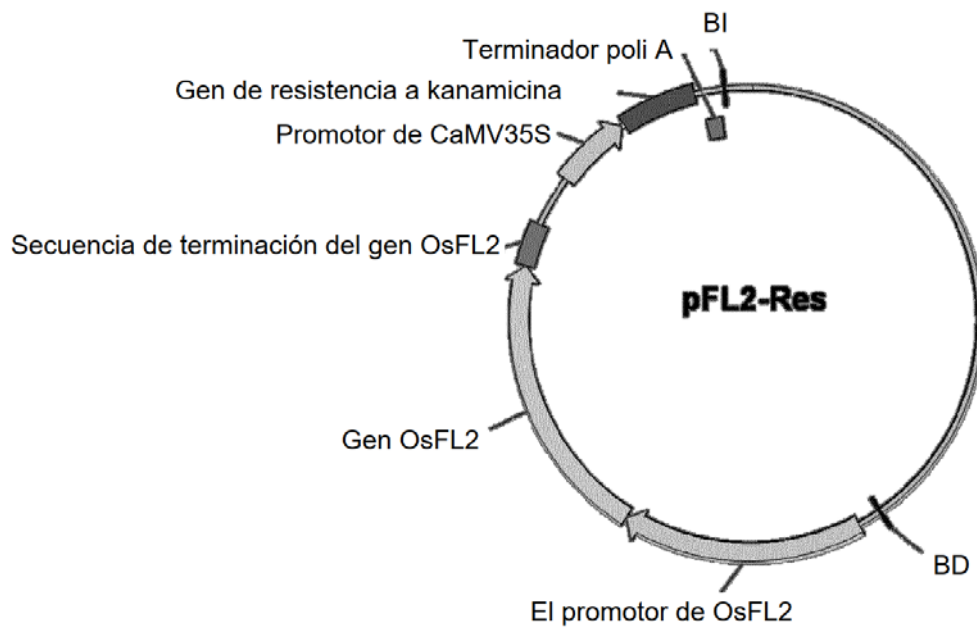


Fig.11

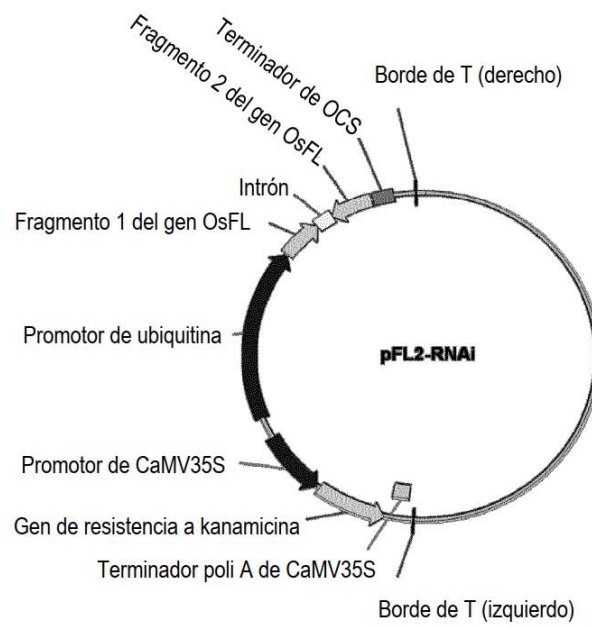


Fig.12

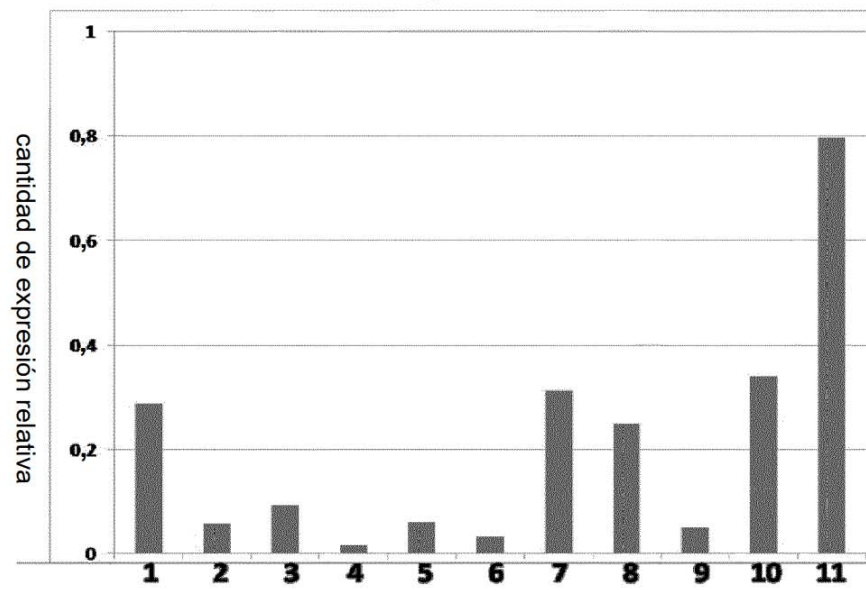


Fig.13

Paquete Sequence Manipulation: exposición de alineamiento múltiple

| | | | |
|-------------------------|------|---|-----|
| Arroz | .seq | -----MAGGRRSSSSFFVAAAAAAAVLILGCLALISEGFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 84 |
| Cebada | .seq | MLSSFAQMAAGRRSPFLVFAAVL-----GSCIVALSEPFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 85 |
| Sorgo | .seq | -----MAGGRRSSSSFFVAAAAAAAVLILGCLALISEGFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 86 |
| Mijo | .seq | -----MAGGRRSSSSFFVAAAAAAAVLILGCLALISEGFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 87 |
| Brachypodium distachyon | .seq | -----MAGGRRSSSSFFVAAAAAAAVLILGCLALISEGFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 88 |
| Maíz | .seq | -----MAGGRRSSSSFFVAAAAAAAVLILGCLALISEGFLERFRVHAQDAPLVSSNYIVGGGTA-----GCPLAATLSEHSRVLLLE | 89 |
| Arroz | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 174 |
| Cebada | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 175 |
| Sorgo | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 168 |
| Mijo | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 167 |
| Brachypodium distachyon | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 169 |
| Maíz | .seq | RGGLRYNNMSQCHFTALADTSFASPAQRFVSDGCVNARARVLGGGSCIN-----AGFYTRASNDYVHAAGWDARLVNSSYRWVERALVFRRD | 188 |
| Arroz | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 254 |
| Cebada | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 255 |
| Sorgo | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 248 |
| Mijo | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 247 |
| Brachypodium distachyon | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 249 |
| Maíz | .seq | VFPWQAALRDALLEGVTFDN-----GTFDHWGCKIGGTFIDNSGQRHTAADFLRHARFGLTVGLYATVSRLFFQQL-----GVPY | 288 |
| Arroz | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 344 |
| Cebada | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 345 |
| Sorgo | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 338 |
| Mijo | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 337 |
| Brachypodium distachyon | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 339 |
| Maíz | .seq | FVAYGVVFPDPLGVQHRVYLDDCKNEVILSAGTLGSPQLMLSGVGPQAHLEAH-----GQVQLVDQPMVGGQVADNPMSNVFIPSPVPVFLSL | 388 |
| Arroz | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 429 |
| Cebada | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 429 |
| Sorgo | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 425 |
| Mijo | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 422 |
| Brachypodium distachyon | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 424 |
| Maíz | .seq | QVVGITRSGSFIEGVSGSEFGFVPSDGR-----RARSPGLSPQGTGQLGLTPPQRTPEALRAAEAMRLDRAFRGGFILEKILG----- | 488 |
| Arroz | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 514 |
| Cebada | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 514 |
| Sorgo | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 508 |
| Mijo | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 507 |
| Brachypodium distachyon | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 508 |
| Maíz | .seq | PVSCHVELLSDPRANFVFNYPGCEEDLRCVVGIGTIERVLSRAFSNFTYNAS-----VESIFDSSANFPVNLPRHNDSD89 | 588 |
| Arroz | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 588 |
| Cebada | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 588 |
| Sorgo | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 582 |
| Mijo | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 581 |
| Brachypodium distachyon | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 583 |
| Maíz | .seq | EQYCRBTVMTIWYHGGCGVAVVDDYRVFGVQLLEVIDS-----STFRYSPGTNPQATVMMLGRYMGVKIQCRNRK | 672 |

Fig.14

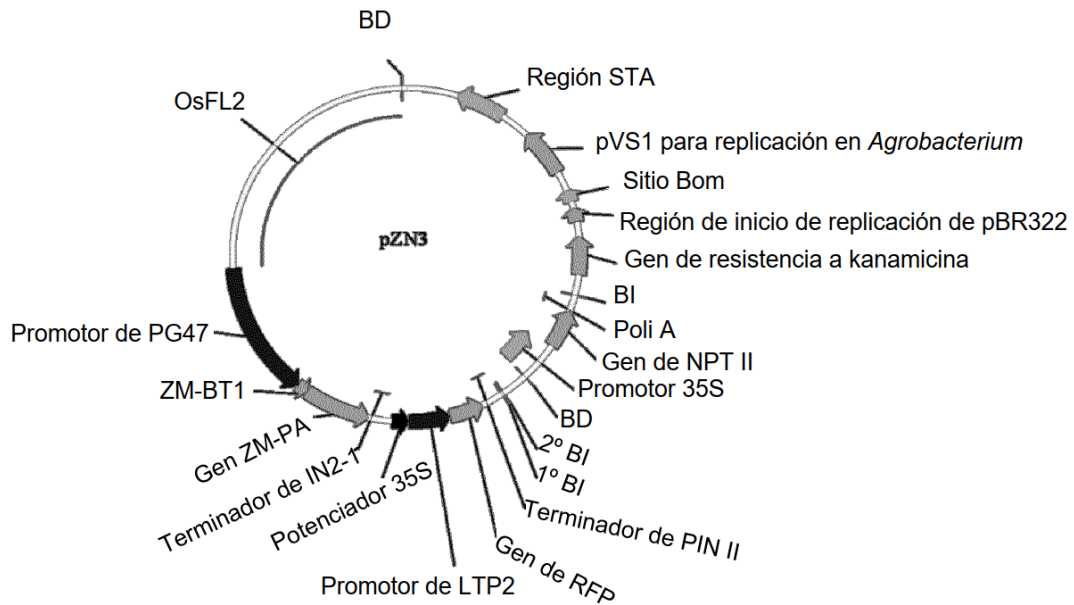


Fig.15

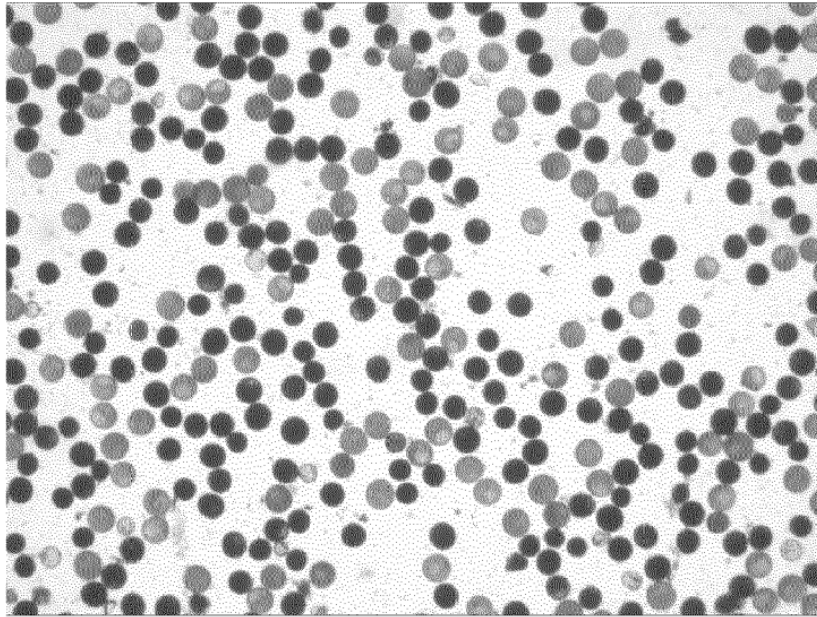


Fig.16

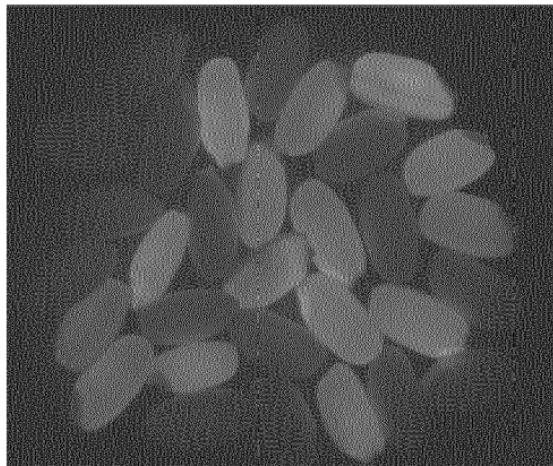


Fig. 17