República Federativa do Brasil
Ministério da Economia
Instituto Nacional da Propriedade Industrial

(21) PI 0816816-4 A2

(22) Data do Depósito: 15/09/2008

(43) Data da Publicação Nacional: 19/03/2009

(54) Título: MÉTODO PARA AUMENTAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM O RENDIMENTO EM PLANTAS EM RELAÇÃO ÀS PLANTAS DE CONTROLE, PLANTAS, PARTES DAS MESMAS, OU CÉLULAS DE PLANTA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS, PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS, PRODUTOS, E, USO DE UMA SEQUÊNCIA DE ÁCIDO NUCLEICO

(51) Int. Cl.: C12N 15/82; C12N 15/29; A01H 5/00; A01H 5/10.

(30) Prioridade Unionista: 02/10/2007 US 60/976835; 03/10/2007 US 60/977121; 14/09/2007 EP 07116515.3; 14/09/2007 EP 07116520.3; 14/09/2007 EP 07116516.1; (...).

(71) Depositante(es): BASF PLANT SCIENCE GMBH.

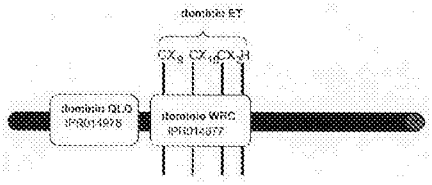
(72) Inventor(es): CHRISTOPHE REUZEAU; ANA ISABEL SANZ MOLINERO; VALERIE FRANKARD; RAMON SERRANO SALOM; JOSÉ MIGUEL MULET SALORT.

(86) Pedido PCT: PCT EP2008062232 de 15/09/2008

(87) Publicação PCT: WO 2009/034188 de 19/03/2009

(85) Data da Fase Nacional: 12/03/2010

(57) Resumo: MÉTODO PARA AUMENTAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM O RENDIMENTO EM PLANTAS EM RELAÇÃO ÀS PLANTAS DE CONTROLE, PLANTAS, PARTES DAS MESMAS, OU CÉLULAS DE PLANTA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS, PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS, PRODUTOS, E, USO DE UMA SEQUÊNCIA DE ÁCIDO NUCLEICO A presente invenção diz respeito no geral ao campo da biologia molecular e envolve um método para aumentar várias características relacionadas com o rendimento de planta pelo aumento da expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP. A presente invenção também envolve plantas tendo expressão aumentada de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP, plantas estas que têm características relacionadas com o rendimento aumentado em relação às plantas de controle. A invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.



"MÉTODO PARA AUMENTAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM O RENDIMENTO EM PLANTAS EM RELAÇÃO ÀS PLANTAS DE CONTROLE, PLANTAS, PARTES DAS MESMAS, OU CÉLULAS DE PLANTA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS, PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS, PRODUTOS, E, USO DE UMA SEQUÊNCIA DE ÁCIDO NUCLEICO"

A presente invenção diz respeito no geral ao campo da biologia molecular e envolve um método para aumentar vários características relacionadas com o rendimento de planta pelo aumento da expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP. A presente invenção também envolve plantas tendo expressão aumentada de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP, plantas estas que têm características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle. a invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.

A população mundial sempre crescente e a oferta diminuída de terra arável disponível para a agricultura estimulam a pesquisa voltada para o aumento da eficiência da agricultura. Meios convencionais para as melhoras de safra e horticulturais utilizam técnicas de geração seletiva para identificar plantas tendo características desejáveis. Entretanto, tais técnicas de geração seletiva têm várias desvantagens, isto é que estas técnicas são tipicamente intensivas em trabalho e resultam em plantas que frequentemente contêm componentes genéticos heterogêneos que nem sempre podem resultar no traço desejável que é passado adiante a partir das plantas precursoras. Avanços na

biologia molecular têm permitido que a humanidade modifique o germoplasmo de animais e plantas. A engenharia genética de plantas acarreta necessariamente a isolação e manipulação de material genético (tipicamente na forma de DNA ou RNA) e a subsequente introdução deste material genético em uma planta. Tal tecnologia tem a capacidade para liberar safras ou plantas tendo vários traços econômicos, agronômicos ou horticulturais melhorados.

Um traço de interesse econômico particular é o rendimento aumentado. O rendimento é normalmente definido como o produto mensurável de valor econômico de uma safra. Isto pode ser definido em termos de quantidade e/ou qualidade. O rendimento é diretamente dependente de vários fatores, por exemplo, do número e tamanho dos órgãos, arquitetura de planta (por exemplo, o número de ramificações), produção de semente, senescência de folha e mais. O desenvolvimento de raiz, captação de nutriente, tolerância ao estresse e vigor inicial também podem ser fatores importantes na determinação do rendimento. A otimização dos fatores mencionados acima portanto pode contribuir para aumentar o rendimento da safra.

O rendimento de semente é um traço particularmente importante, visto que as sementes de muitas plantas são importantes para a nutrição humana e animal. As safras tais como de milho, arroz, trigo, canola e soja responsáveis por mais da metade da ingestão calórica humana total, seja através do consumo direto das próprias sementes ou através do consumo de produtos de carne erigida sobre sementes processadas. Estas também são uma fonte de açúcares, óleos e muitos tipos de metabólitos usados em processos industriais. As sementes contêm um embrião (a fonte de novos brotos e raízes) e um endosperma (a fonte de nutrientes para o crescimento do embrião durante a germinação e durante o crescimento inicial das mudas). O desenvolvimento de uma semente envolve muitos genes e requer a

transferência de metabólitos das raízes, folhas e hastes na semente em desenvolvimento. O endosperma, em particular, assimila os precursores metabólicos de carboidratos, óleos e proteínas e os sintetizam em macromoléculas de armazenagem para encher o grão.

A biomassa vegetal é produzida para safras de forragem como alfalfa, silagem milho e feno. Muitos representantes para a produção foram usados em safras de grão. O principal entre estes são estimativas do tamanho da planta. O tamanho da planta pode ser medido em muitos modos dependendo das espécies e estágio desenvolvimental, mas incluem peso seco da planta total, peso seco acima do solo, peso fresco acima do solo, área de folha, volume de caule, altura da planta, diâmetro da roseta, comprimento da folha, comprimento da raiz, massa da raiz, número de brotos e número de folhas. Muitas espécies mantém uma razão conservativa entre o tamanho de partes diferentes da planta em um dado estágio desenvolvimental. Estas relações alométricas são usadas para extrapolar a partir de uma destas medidas de tamanho para outra (por exemplo, Tittonell *et al* 2005 Agric Ecosys & Environ 105: 213). O tamanho da planta em um estágio desenvolvimental inicial tipicamente correlacionar-se-á com o tamanho da planta mais tarde no desenvolvimento. Uma planta maior com uma áre de folha maior pode tipicamente absorver mais luz e dióxido de carbono do que uma planta menor e portanto provavelmente ganhará um peso maior durante o mesmo período (Fasoula & Tollenaar 2005 Maydica 50: 39). Isto está além da continuação potencial das vantagens micro-ambientais ou genéticas que a planta teve para alcançar o tamanho maior inicialmente. Existe um componente genético forte para o tamanho e taxa de crescimento da planta (por exemplo, *ter* Steege *et al* 2005 Plant Physiology 139: 1078), e assim para uma faixa de tamanhos de planta de genótipos diversos sob uma condição ambiental é provável correlacionar-se com o tamanho sob uma outra (Hittalmani *et al* 2003 Theoretical Applied Genetics 107:679). Deste modo

um ambiente padrão é usado como um representante para os diversos e dinâmicos ambientes encontrados em locais e tempos diferentes pelas safras no campo.

Um outro traço importante para muitas safras é o vigor inicial. A melhora do vigor inicial é um objetivo importante de programas de geração de arroz modernos em cultivares de arroz tanto temperados quanto tropicais. Raízes longas são importantes para a ancoragem no solo adequada em arroz semeado em água. Onde arroz é semeado diretamente em campos alagados e onde as plantas devem emergir rapidamente através da água, brotos mais longos estão associados com vigor. Onde a semeadura em sulco é praticada, mesocótilos e coleóptilos mais longos são importantes para a boa emergência das mudas. A capacidade para engendrar vigor inicial nas plantas seria de enorme importância na agricultura. Por exemplo, o vigor inicial deficiente tem sido uma limitação à introdução de híbridos de milho (*Zea mays* L.) com base no germoplasmo do Cinturão do Milho no Atlântico Europeu.

Índice de colheita, a razão de rendimento de semente para peso seco acima do solo, é relativamente estável sob muitas condições ambientais e assim uma correlação robusta entre o tamanho da planta e rendimento de grão pode ser frequentemente obtida (por exemplo, Rebetzke *et al* 2002 Crop Science 42: 739). Estes processos são intrinsicamente ligados porque a maioria da biomassa de grão é dependente da produtividade fotossintética corrente ou armazenada pelas folhas e haste da planta (Gardener *et al* 1985 Physiology of Crop Plants. Iowa State University Press, pp 68-73). Portanto, selecionar quanto ao tamanho da planta, mesmo em estágios iniciais de desenvolvimento, foram usados como um indicador para futuro rendimento potencial (por exemplo, Tittonell *et al* 2005 Agric Ecosys & Environ 105: 213). Quando do teste quanto ao impacto de diferenças genéticas sobre tolerância ao estresse, a capacidade para padronizar as propriedades do solo, temperatura, disponibilidade de água e nutriente e intensidade de luz é uma

vantagem intrínseca de ambientes de estufa ou câmara de crescimento de planta comparados com o campo. Entretanto, limitações artificiais sobre o rendimento devido à polinização deficiente devido à ausência de vento ou insetos, ou espaço insuficiente para o crescimento de raiz ou copa maduras, pode restringir o uso destes ambientes controlados para testar diferenças de rendimento. Portanto, medições de tamanho de planta em desenvolvimento inicial, sob condições padronizadas em uma câmara de crescimento ou estufa, são práticas padrão para fornecer indicação de vantagens de rendimento genético potencial.

Um outro traço de importância é aquele de tolerância ao estresse abiótico melhorada. O estresse abiótico é uma causa primária de perda de safra no mundo todo, reduzindo os rendimentos médios para a maioria das plantas de safra principais em mais do que 50 % (Wang *et al.*, Plant (2003) 218: 1-14). Os estresses abióticos podem ser causados pela seca, salinidade, extremos de temperatura, toxicidade química, excesso ou deficiência de nutrientes (macroelementos ou microelementos), radiação e estresse oxidativo. A capacidade para aumentar a tolerância da planta ao estresse abiótico seria de enorme vantagem econômica para os agricultores no mundo todo e permitiria o cultivo de safras durante as condições adversas e em territórios onde o cultivo de safras de outro modo não pode ser possível.

O rendimento de safra portanto pode ser aumentado pela otimização de um dos fatores mencionados acima.

Dependendo do uso final, a modificação de certos traços de rendimento pode ser favorecida em relação a outros. Por exemplo para aplicações tais como forragem ou produção de madeira ou recurso de bio-combustível, um aumento nas partes vegetativas de uma planta pode ser desejável e para aplicações tais como produção de farinha, amido ou óleo, um aumento nos parâmetros de semente pode ser particularmente desejável. Mesmo entre os parâmetros de semente, alguns podem ser favorecidos em

relação a outros, dependendo da aplicação. Vários mecanismos podem contribuir para aumentar o rendimento de semente, quer que estejam na forma de tamanho de semente aumentado ou número de semente aumentado.

Um método para aumentar as características relacionadas com o rendimento (rendimento de semente e/ou biomassa) em plantas pode ser através da modificação dos mecanismos de crescimento inerentes de um planta, tais como o ciclo celular ou vários caminhos de sinalização envolvidos no crescimento da planta ou em mecanismos de defesa.

Foi agora descoberto que várias características relacionadas com o rendimento podem ser aumentadas em plantas em relação às plantas de controle, pelo aumento da expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo do Fator Regulador do Crescimento (GRF). As características relacionadas com o rendimento aumentadas compreende um ou mais de: vigor inicial aumentado, biomassa acima do solo aumentada, rendimento de semente total aumentada por planta, taxa de enchimento de semente aumentada, índice de colheita aumentado e peso de mil sementes aumentado.

Foi agora descoberto que várias características de crescimento podem ser melhoradas em plantas pela modulação da expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um equivalente a RAA1 (Arquitetura de Raiz Associada 1) em uma planta.

Foi agora descoberto que várias características de crescimento, em particular resistência ao estresse abiótico aumentada, podem ser melhoradas em plantas pela modulação da expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica uma proteína Reguladora do Rendimento de Semente (SYR).

Foi agora descoberto que várias características relacionadas com o rendimento podem ser melhoradas em plantas pela modulação da expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo

ARKL (Equivalente a ARADIA) em uma planta.

Foi agora descoberto que várias características relacionadas com o rendimento podem ser melhoradas em plantas pela modulação da expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica uma YTP (Proteína de Transmembrana de Rendimento) em uma planta.

FUNDAMENTOS

As proteínas que ligam DNA são proteínas que compreendem qualquer um de muitos domínios de ligação de DNA e assim têm uma afinidade específica ou geral para o DNA. As proteínas de ligação de DNA incluem por exemplo fatores de transcrição que modulam o processo de transcrição, nucleases que clivam moléculas de DNA, e histonas que estão envolvidas no empacotamento de DNA no núcleo da célula.

Os fatores de transcrição são usualmente definidos como proteínas que mostram afinidade de ligação de DNA específicas da SEQuência e que são capazes de ativar e/ou reprimir a transcrição. O genoma de *Arabidopsis thaliana* codifica pelo menos 1533 reguladores transcricionais, responsabilizando-se por ~5,9 % do seu número total estimado de genes (Riechmann *et al.* (2000) Science 290: 2105-2109). A Base de Dados de Fatores de Transcrição do Arroz (DRTF) é uma coleção de fatores de transcrição conhecidos e prognosticados de *Oryza sativa L. ssp. indica* e *Oryza sativa L. ssp. japonica*, e correntemente contém 2.025 modelos de gene de fatores de transcrição putativos (TF) em *indica* e 2.384 em *japonica*, distribuídos em 63 famílias (Gao *et al.* (2006) Bioinformatics 2006, 22(10): 1286-7).

Uma destas famílias é a família do Fator Regulador do Crescimento (GRF) de fatores de transcrição, que é específico para plantas. Pelo menos nove polipeptídeos GRF foram identificados em *Arabidopsis thaliana* (Kim *et al.* (2003) Plant J 36: 94-104), e pelo menos doze em *Oryza sativa* (Choi *et al.* (2004) Plant Cell Physiol 45(7): 897-904). Os

polipeptídeos GRF são caracterizados pela presença na sua metade de terminal N de pelo menos dois domínios altamente conservados, nomeados depois que a maioria dos aminoácidos conservados dentro de cada domínio: (i) um domínio QLQ (acesso InterPro IPR014978, acesso PFAM PF08880), onde os aminoácidos mais conservados do domínio são Gln–Leu-Gln; e (ii) um domínio WRC (acesso InterPro IPR014977, acesso PFAM PF08879), onde a maior parte dos aminoácidos conservados do domínio são Trp-Arg-Cys. O domínio WRC contém ainda duas características estruturais distintivas, a saber, o domínio WRC é enriquecido em aminoácidos básicos Lys e Arg, e ainda compreende três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado ($CX_5CX_{10}CX_2H$), designado como o domínio Efetor de Transcrição (ET) (Ellerstrom *et al.* (2005) Plant Molec Biol 59: 663-681). O espaçamento conservado de resíduos de cisteína e histidina no domínio ET é recordativo das proteínas de dedo de zinco (ligação de zinco). Além disso, um sinal de localização nuclear (NLS) é usualmente compreendido nas sequências de GRF do polipeptídeo.

A interação de alguns polipeptídeos GRF com uma família pequena de coativadores transcricionais, fatores que interagem com GRF (GIF1 a GIF3; também chamados de polipeptídeo de translocação de sarcoma sinovial (SYT), SYT1 a SYT3), foi demonstrado usando um ensaio de interação de híbrido duplo de levedura (Kim & Kende (2004) Proc Natl Acad Sci 101: 13374-13379).

O nome GRF também foi dado a um outro tipo de polipeptídeos, pertencentes à família 14-3-3 de polipeptídeos (de Vetten & Ferl (1994) Plant Physiol 106: 1593-1604), que são totalmente não relacionados com os polipeptídeos GRF úteis na realização dos métodos da invenção.

Plantas de *Arabidopsis thaliana* transgênicas transformadas com um polipeptídeo GRF do arroz (OsGRF1) sob o controle de um promotor

35S CaMV constitutivo viral demosntraram folhas enroladas, alongamento severamente reduzido da inflorescência primária, e expulsão demorada (van der Knapp *et al.* (2000) Plant Physiol 122: 695-704). As plantas transgênicas de *Arabidopsis thaliana* transformadas com um de dois polipeptídeos GRF de *Arabidopsis* (AtGRF1 e AtGRF2) desenvolveram folhas e cotilédones maiores, foram demoradas na expulsão, e foram parcialmente estéreis (devido à falta de pólen viável), comparadas com as plantas do tipo selvagem (Kim *et al.* (2003) Plant J 36: 94-104).

No pedido de patente US US2006/0048240, um polipeptídeo GRF de *Arabidopsis thaliana* é identificado como SEQ ID NO: 33421. No pedido de patente US 2007/0022495, um polipeptídeo GRF de *Arabidopsis thaliana* é identificado como SEQ ID NO: 1803 (também aqui aludido como G1438). As plantas de Arabidopsis transgênicas que super expressam G1438 usando o promotor 35S CaMV apresentam folhas verdes escuras.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que aumentar a expressão de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle.

De acordo com uma forma de realização, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende aumentar a expressão de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF em uma planta. As características relacionadas com o rendimento aumentadas compreendem um ou mais de: vigor inicial aumentado, biomassa acima do solo aumentada, rendimento de semente total aumentado por planta, taxa de enchimento de semente aumentada, índice de colheita aumentado e peso de mil sementes aumentado.

Pouco é conhecido a cerca da biologia molecular da formação de raiz em plantas monocotiledôneas. Até agora apenas uns poucos genes

foram identificados que afetam o desenvolvimento de raiz: os exemplos são o mutante rt1 que forma pouca ou nenhuma copa e raízes de fixação (Jenkins, J. Hered. 21: 79-80, 1930), o mutante asrl, que demonstra raízes seminais defeituosas (De Miranda *et al.*, Maize Genet. Coop. News Lett. 54: 18-19, 1980), as raízes nodais que carecem do mutante rtcs (adventícias) (Hetz *et al.*, Plant J. 10: 845-857, 1996), o mutante slrl e o mutante slr2 com raízes laterais encurtadas (Hochholdinger *et al.*, Plant Physiol 125: 1529-1539, 2001), ou rum1, que é afetado no início lateral na raiz primária mas também no início da formação da raiz seminal (Woll *et al.*, Plant Physiol., 139, 1255-1267, 2005). Liu *et al.* (Proteomics 6, 4300-4308, 2006) fizeram uma comparação proteômica entre as raízes primárias de mudas do tipo selvagem e rum1 e identificaram mais 12 genes que foram diferentemente regulados e que foram envolviudos na biossíntese de lignina, defesa, e no ciclo de citrato.

Um outro gene envolvido na formação de raiz em plantas monocotiledôneas é raa1, primeiro isolado do arroz (Ge *et al.*, Plant Physiol. 135, 1502-1513, 2004): o gene codifica uma proteína de 12,0 kD tendo 58 % de homologia com o FPF1 de *Arabidopsis* (Fator 1Que Promove o Florescimento). No arroz, RAA1 foi expressado especificamente no meristema apical, a zona de alongamento de ponta de raiz, estelas da zona de ramificação, e a raiz lateral jovem. A superexpressão constitutiva aumentou o número de raízes adventícias, mas o crescimento de raiz primária foi diminuído. Além disso, o teor de auxina endógena foi aumentado. OsRAA1 também foi induzido pela auxina; sugerindo que uma regulagem de retroalimentação positiva existe entre RAA1 e auxina no desenvolvimento da raiz do arroz (Ge *et al.*, 2004). Além disso, as plantas que super expressam OsRAA1 tiveram folhas mais longas e flósculos estéreis (Ge *et al.*, 2004). WO 2006/067219 divulga o uso de FPF1 e proteins relacionadas para aumentar a produção de carboidratos em plantas, mas os transgênicos que superexpressam FPF1 não mostraram rendimento de semente aumentado e

nenhum efeito sobre o crescimento de raiz foi relatado.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 dá plantas tendo traços realçados relacionados com o rendimento, em particular rendimento aumentado em relação às plantas de controle.

De acordo com uma forma de realização, é fornecido um método para melhorar características relacionadas com o rendimento de uma planta em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 em uma planta. As características relacionadas com o rendimento melhoradas compreenderam altura aumentada, índice de broto/raiz, espessura de raiz, índice de verdura, número de flores por panículo e peso de mil sementes aumentados. As características relacionadas com o rendimento melhoradas foram observados sob condições de cultivo normais assim como sob condições de estresse.

O Regulador de Rendimento de Semente (SYR) é uma nova proteína que até agora não foi caracterizada. SYR mostra alguma homologia (em torno de 48 % de identidade da SEQuência ao nível de DNA, em torno de 45 % ao nível de proteína) com uma proteína de *Arabidopsis* chamada de ARGOS (Hu *et al.*, Plant Cell 15, 1951-1961, 2003; US 2005/0108793). Hu *et al.* Postularam que ARGOS é uma proteína de função única e é codificada por um único single. Os fenótipos principais da super expressão de ARGOS em *Arabidopsis* são a biomassa folhosa aumentada e o florescimento retardado. Ao contrário, a super expressão de SYR em arroz primariamente aumenta o rendimento de semente, ao passo que a biomassa folhosa e o tempo de florescimento obviamente não são afetados.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica uma proteína Reguladora do Rendimento de Semente (daqui em diante chamada de SYR)

dá plantas, que quando cultivadas sob condições de estresse abiótico, tendo tolerância ao estresse abiótico realçada em relação às plantas de controle.

Portanto, a presente invenção fornece um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas cultivadas sob condições de estresse abiótico, em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR.

O polipeptídeo ARKLs compreende um domínio de dedo de RING que se parece com aquele encontrado na proteína ARKADIA de camundongo, uma E3 ubiquitina ligase envolvida na sinalização Nodal durante a embriogênese (Mavrakis *et al.* 2007; PLoS Biol. 2007 Mar; 5(3): e67).

A ubiquitilação, um processo pelo qual uma proteína é modificada pela ligação covalente de ubiquitina é uma parte central e essencial de vários processos celulares em eucariotas. Em plantas, os defeitos nesse caminho causa numerosas aberrações de desenvolvimento, resposta alterada aos estímulos externos e ciclo celular e padrões de crescimento modificados. As proteínas ubiquitinadas são alvejadas para a degradação via um caminho dependente ou independente de proteassoma 26S. A modificação pela ubiquitina desempenha um papel na ativação de proteínas de sinalização, endocitose, seleção, e modificação de histona.

O destino da proteína ubiquitinada é determinado pela natureza da ligação da ubiquitina. Ubiquitinas únicas ou múltiplas podem ser ligadas ao alvo (mono e poli ubiquitinação; o resíduo Lys específico usado para formar a cadeia da ubiquitina pode influenciar o destino final da proteína modificada, por exemplo se este é a degradação ou ativação.

A ligação de ubiquitina às proteínas ocorre em um processo de etapa múltipla envolvendo três enzimas chamadas, E1, E2, E3 (Glikeman e Ciechanover (2000) Physiol Rev 82: 377-482). Inicialmente a ubiquina é

ligada à proteína em uma maneira dependente de ATP que é depois transferido para um aceitador de cisteína na proteína E2 para formar um intermediário de ubiquitina E2 que atua como um doador de ubiquitina para a proteína alvo em uma reação mediada pela ubiquitina ligase, também chamada de E3 ligase ou enzima E3. Existem tipos múltiplos de E3 ligases. As E3 ligases do tipo RING são caracterizadas pela presença de um domínio de proteína conservado chamado de dedo de RING ou RING-ZnF (Novo Gene Realmente Interessante - Dedo de Zinco).

Os motivos de ligação de zinco são estruturas estáveis, e estes raramente sofrem mudanças conformacionais na ligação ao seu alvo. A maioria das proteínas de ZnF contém protuberâncias equivalentes a dedo múltiplas que fazem contatos em tandem com as sua molécula alvo, frequentemente reconhecendo substratos prolongados. O dedo de RING é um domínio de ligação de Zinco especializado que presumivelmente funciona nas interações de proteína-proteína. O dedo de RING tem de 40 a 60 resíduos de comprimento e coordena dois átomos de zinco. Este é distinto de outros dedos de zinco em que os oito resíduos de aminoácido de ligando metálico que coordenam o íon zinco caem em uma estrutura específica chamada de estrutura de suporte cruzado (Borden (2000). J Mol Biol 295: 1103-1112). O espaçamento das cisteínas/histidinas que coordenam os íons Zinco em um tal domínio é C-x(2)-C-x(9 a 39)-C-x(1 a 3)-H-x(2 a 3)-Cx(2)-C-x(4 a 48)-C-x(2)-C. Os pares de ligando metálico um e três co-ordenam-se para ligar um íon de zinco, enquanto que os pares dois e quatro ligam o segundo. Existe duas variantes diferentes, o tipo C3HC4 e um tipo C3H2C3, que estão claramente relacionadas a despeito do padrão de cisteína/histidina diferente. O último tipo é algumas vezes aludido como 'dedo de RING-H2'. No último a coordenação do íon Zinco é mediada pelas 6 cisteínas e 2 histidinas enquanto que no C3HC4 é mediada pelas 7 cisteínas e uma histidina.

Na *Arabidopsis thaliana* existem pelo menos 477 domínios

RING putativos que compreendem proteínas. Alguns contêm domínios de dedo de RING múltiplos. Os domínios RING foram classificados em oito tipos com base no resíduo de ligando metálico presente e/ou o número de aminoácidos entre eles (Stone *et al.* 2005) Plant Phys. 137, 13-30. A classe de RING-H2 é a classe maior em *Arabidopsis*. Com base na natureza dos domínios e a sua organização as proteínas de dedo de RING de *Arabidopsis* foram classificadas ainda em 30 grupos, Grupo 1 ao Grupo 30. Os subgrupos dentro de alguns dos grupos também foram reconhecidos, por exemplo os subgrupos 2.1 e 2.2 do grupo 2 (Stone *et al.* 2005). O Grupo 1 foi aludido como o grupo da proteína de dedo de RING que carece dos domíniso anteriormente descritos. A análise da SEQuência desta proteína revelou regiões de similaridade entre umas poucas proteínas fora do domínio de RING, que foram chamadas de DAR1 a DAR3 (Domínio Associado com RING). DAR1 e DAR3 têm aproximadamente 40 aminoácidos de comprimento e DAR2 120. DAR1 foi relatado ocorrer apenas em proteínas de origem vegetal (Stone *et al.* 2005). A presença de domínios conservados comuns sugeriu uma função relacionada para as proteínas que compreendem os domínios.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas em particular rendimento aumentado em relação às plantas de controle.

De acordo com uma forma de realização, é fornecido um método para melhorar ou realçar características relacionadas com o rendimento de uma planta em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL em uma planta.

Todas as células eucarióticas contêm sistemas elaborados de membranas internas que ativam vários compartimentos fechados por

membrana dentro da célula. O sistema de endomembrana é a coleção de estruturas membranosas envolvidas no transporte dentro da célula. Os componentes principais do sistema de endomembrana são o retículo endoplasmático, os corpos de Golgi, vesículas, membrana celular e envelope nuclear. Os membros do sistema de endomembrana passam materiais através um do outro ou através do uso de vesículas. Uma característica universal de todas as células é uma membrana limitadora externa chamada de membrana plasmática.

As membranas são construídas a partir de lipídeos e proteínas. A associação de proteínas com a membrana pode ser via uma ligação covalente, pela qual a proteína é ligada aos lipídeos da membrana. No caso das chamadas proteínas de transmembrana, as cadeias de polipeptídeo da proteína realmente cruzam a bicamada lipídica. A associação com a membrana também pode ocorrer via associação da proteína, a chamada proteína periférica, pelas ligações não covalentes às porções protruberantes de proteínas de membrana integral.

As proteínas de transmembrana (proteínas de TM) têm uma natureza anfifílica com segmentos de TM hidrofóbicos (TMSs) e alças hidrofílicas. Em proteínas de transmembrana, a porção dentro da bicamada lipídica consiste primariamente de aminoácidos hidrofóbicos. Estes são usualmente arranjados em uma hélice alfa de modo que os grupos polares carbóxi (-C=O) e amino (-NH) nas ligações de peptídeo podem interagir entre si ao invés de com seus arredores hidrofóbicos. Estas porções do polipeptídeo que projeta da bicamada tendem a ter uma alta porcentagem de aminoácidos hidrofílicos. Além disso, aqueles que se projetam no espaço extracelular são usualmente glicosilados.

A topologia de transmembrana de uma proteína foi determinada com base na cristalografia de raio X experimental, RMN, técnica de fusão de gene, método de acessibilidade à cisteína substituída, experimento

de glicosilação ligado a Asp(N) e outros métodos bioquímicos. Além disso, vários métodos foram desenvolvidos para determinar a estrutura e função de proteínas TM de suas sequências de aminoácido (Killer *et al.*, 2001; Ikeda *et al.*, 2002; Chen *et al.*, 2002).

A análise de similaridade da SEQuência de proteína entre proteínas tem se beneficiado dos desenvolvimentos no campo da genômica. Vários domínios conservados entre duas ou mais proteínas para as quais nenhuma função foi designada pode ser realizada usando algoritmos específicos. Um tal domínio conservado é o chamado domínio DUF221 (Domínio de Função Desconhecida 221) como descrito em Pfam (Finn *et al.* Nucleic Acid Research (2006) Database Issue 34: D247-D251). Este domínio é encontrado em uma família de proteínas de transmembrana hipotética, nenhuma das quais têm qualquer função conhecida, a região alinhada está em 538 resíduos no comprimento máximo. O domínio ocorre em várias proteínas de origem eucariótica. A expressão de um gene de *Arabidopsis*, EDR4, que codifica uma proteína que compreende um DUF221 foi relatada ser expressada imediatamente no tratamento de desidratação (Kiyosue *et al*; Plant Mol Biol. 1994 25(5): 791-8). Um mutante silenciado de *Arabidopsis*, gfs10, em um gene que codifica uma outra proteína contendo DUF221 do domínio foi relatada ter um fenótipo similar àquele dos mutante de seleção vacuolar (Fuji *et al*; 2007. Plant Cell. 2007. 19(2): 597-609).

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas em particular rendimento aumentado em relação às plantas de controle.

De acordo com uma forma de realização, é fornecido um método para realçar (melhorar) características relacionadas com o rendimento de uma planta em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP em uma

planta.

DEFINIÇÕES

Polipeptídeo(s)/Proteína(s)

Os termos "polipeptídeo" e "proteína" são usados intercambiavelmente aqui e refere-se a aminoácidos em uma forma polimérica de qualquer comprimento, ligados entre si pelas ligações de peptídeo.

Polinucleotídeo(s)/Ácido(s) nucléico(s)/Sequência(s) de ácido nucléico/ Sequência(s) de nucleotídeo

Os termos "polinucleotídeo(s)", "sequência(s) de ácido nucléico", "sequência(s) de nucleotídeo", "ácido(s) nucléico(s)", "molécula de ácido nucléico" são aqui usados intercambiavelmente e refere-se a nucleotídeos, ribonucleotídeos ou desoxiribonucleotídeos ou uma combinação de ambos, em uma forma não ramificada polimérica de qualquer comprimento.

Planta(s) de Controle

A escolha de plantas de controle adequadas é uma parte da rotina de um cenário experimental e pode incluir plantas do tipo selvagem correspondentes ou plantas correspondentes sem o gene de interesse. A planta de controle é tipicamente da mesma espécie vegetal ou ainda da mesma variedade como a planta a ser avaliada. A planta de controle também pode ser uma nulizigota da planta a ser avaliada. Nulizigotos são indivíduos que perdem o transgene pela segregação. Uma "planta de controle" como aqui usada refere-se não apenas às plantas inteiras, mas também a partes de planta, incluindo sementes e partes de semente.

Homólogo(s)

"Homólogos" de uma proteína abrangem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos, proteínas e enzimas tendo substituições, deleções e/ou inserções de aminoácido em relação à proteína não modificada

em dúvida e tendo atividade biológica e funcional similares como a proteína não modificada a partir da qual elas são derivadas.

Uma deleção refere-se à remoção de um ou mais aminoácidos de uma proteína.

Uma inserção refere-se a um ou mais resíduos de aminoácido que são introduzidos em um sítio pré determinado em uma proteína. As inserções podem compreender fusões de terminal N e/ou terminal C assim como inserções intra-sequência de aminoácidos únicos ou múltiplos. No geral, as inserções dentro da sequência de aminoácido será menor do que as fusões de terminal N ou C, da ordem de cerca de 1 a 10 resíduos. Os exemplos de proteínas de fusão de terminal N ou C ou peptídeos incluem o domínio de ligação ou domínio de ativação de um ativador transcricional como usado no sistema de híbrido duplo de levedura, proteínas de revestimento de fago, rótulo de (histidina)-6, rótulo de glutationa S-transferase, proteína A, proteína de ligação de maltose, diidrofoliato redutase, epítopo de Rótulo•100, epítopo c-myc, epítopo FLAG®, lacZ, CMP (peptídeo de ligação de calmodulina), epítopo HA, epítopo de proteína C e epítopo VSV.

Uma substituição refere-se à substituição de aminoácidos da proteína com outros aminoácidos tendo propriedades similares (tais como hidrofobicidade, hidrofilicidade, antigenicidade, propensão para formar ou romper estruturas α-helicoidais ou estruturas de folha β similares). As substituições de aminoácido são tipicamente de resíduos únicos, mas podem ser agrupados dependendo das restrições funcionais colocadas no polipeptídeo; as inserções usualmente serão da ordem de cerca de 1 a 10 resíduos de aminoácido. As substituições de aminoácido são preferivelmente substituições de aminoácido conservativas. As tabelas de substituição conservativas são bem conhecidas na técnica (ver por exemplo Creighton (1984) Proteínas. W. H. Freeman and Company (Eds) e Tabela 1 abaixo).

Tabela 1: Exemplos de substituições de aminoácido conservadas

Resíduo	Substituições Conservativas	Resíduo	Substituições Conservativas
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

As substituições, deleções e/ou inserções de aminoácido podem ser facilmente fabricadas usando técnicas sintéticas de peptídeo bem conhecidas na técnica, tais como síntese de peptídeo de fase sólida e outras ou pela manipulação de DNA recombinante. Os métodos para a manipulação da SEQuências de DNA para produzir variantes de substituição, inserção ou deleção de um proteína são bem conhecidos na técnica. Por exemplo, as técnicas para fabricar mutações de substituição em sítios pré determinados no DNA são bem conhecidos por aqueles habilitados na técnica e incluem mutagênese M13, mutagênese *in vitro* T7-Gen (USB, Cleveland, OH), Mutagênese Direcionada ao Sítio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagênese direcionada ao sítio mediada pela PCR ou outros protocolos de mutagênese direcionada ao sítio.

Derivados

"Derivados" incluem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos que, comparados com a sequência de aminoácido da forma que ocorre naturalmente da proteína, tal como a proteína de interesse, podem compreender substituições de aminoácidos com resíduos de aminoácido que não ocorrem naturalmente ou adições de resíduos de aminoácido que não ocorrem naturalmente. "Derivados" de uma proteína também abrangem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos que compreendem resíduos de aminoácido alterados que ocorrem naturalmente (glicosilados, acilados, prenilados, fosforilados, miristoilados, sulfatados etc.) ou alterados que não

ocorrem naturalmente comparados com a sequência de aminoácido de uma forma que ocorre naturalmente do polipeptídeo. Um derivado também pode compreender um ou mais substituintes que não aminoácido ou adições comparadas com a sequência de aminoácido a partir da qual os mesmos são derivados, por exemplo uma molécula repórter ou outro ligando, covalente ou não covalentemente ligado à sequência de aminoácido, tal como uma molécula repórter que está ligada para facilitar a sua detecção e resíduos de aminoácido que não ocorrem naturalmente em relação à sequência de aminoácido de uma proteína que ocorre naturalmente.

Além disso, "derivados" também incluem fusões da forma que ocorre naturalmente da proteína com peptídeos de rotulação tais como FLAG, HIS6 ou tiorredoxina (para uma revisão de peptídeos de rotulação, ver Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

Ortólogo(s)/Parálogo(s)

Ortólogos e parálogos abrangem conceitos evolucionários usados para descrever as relações ancestrais de genes. Parálogos são genes dentro da mesma espécie que se originaram através da duplicação de um gene ancestral; ortólogos são genes de organismos diferentes que se originaram através da evolução de novas espécies e também são derivados de um gene ancestral comum.

Domínio

O termo "domínio" refere-se a um conjunto de aminoácidos conservados em posições específicas junto com um alinhamento da SEQuências de proteínas evolucionariamente relacionadas. Embora os aminoácidos em outras posições possam variar entre homólogos, os aminoácidos que são altamente conservados em posições específicas indicam aminoácidos que são provavelmente essenciais em estrutura, estabilidade ou função de uma proteína. Identificado pelo seu alto grau de conservação nas sequências alinhadas de uma família de proteínas homólogas, eles podem ser

usados como identificadores para determinar se algum polipeptídeo em dúvida pertence a uma família de polipeptídeo anteriormente identificada.

Motivo/Sequência de consenso/Assinatura

Os termos "motivo" ou "sequência de consenso" ou "assinatura" referem-se a uma região conservada curta na sequência de proteínas evolucionariamente relacionadas. Os motivos são frequentemente partes altamente conservada de domínios, mas também podem incluir apenas parte do domínio ou estar localizadas foram do domínio conservado (se todos os aminoácidos do motivo caem fora de um domínio definido).

Hibridização

O termo "hibridização" como aqui definido é um processo em que sequências de nucleotídeo substancialmente homólogas complementares recozem-se entre si. O processo de hibridização pode ocorrer totalmente em solução, isto é, ambos os ácidos nucléicos complementares estão em solução. O processo de hibridização também pode ocorrer com uma das moléculas de ácido nucléico complementares imobilizadas a uma matriz tal como pérolas magnéticas, pérolas de Sepharose ou qualquer outra resina. O processo de hibridização além disso pode ocorrer com uma das moléculas de ácido nucléico complementares imobilizadas a um suporte sólido tais como uma membrana de nitrocelulose ou náilon ou imobilizados por exemplo pela fotolitografia, por exemplo, a um suporte de vidro silício (o último conhecido como arranjos ou microarranjos da SEQuência de ácido nucléico ou como lascas da SEQuência de ácido nucléico). De modo a permitir que a hibridização ocorra, as moléculas de ácido nucléico são no geral térmica ou quimicamente desnaturadas para fundir um filamento duplo em dois filamentos únicos e/ou para remover grampos de cabelo ou outras estruturas secundárias de moléculas de ácido nucléico de filamento único.

O termo "severidade" refere-se às condições sob as quais uma hibridização ocorre. A severidade de hibridização é influenciada pelas

condições tais como temperatura, concentração salina, concentração iônica e composição do tampão de hibridização. No geral, condições de severidade baixa são selecionadas para serem de cerca de 30° C mais baixo do que o ponto de fusão térmica (T_m) para a sequência específica em uma concentração iônica e pH definidos. As condições de média severidade são quando a temperatura está 20° C abaixo da T_m e condições de alta severidade são quando a temperatura está 10° C abaixo da T_m. As condições de hibridização de severidade alta são tipicamente usadas para isolar sequências hibridizantes que têm similaridade da SEQuência alta com a sequência de ácido nucléico alvo. Entretanto, as sequências de ácido nucléico podem desviar na sequência e ainda codificar um polipeptídeo substancialmente idêntico, devido à degenerescência do código genético. Portanto as condições de hibridização de severidade média podem algumas vezes necessitar identificar tais moléculas de ácido nucléico.

A Tm é a temperatura sob concentração iônica e pH definidos, na qual 50 % da sequência alvo hibridiza com uma sonda perfeitamente emparelhada. A T_m é dependente das condições de solução e da composição base e comprimento da sonda. Por exemplo, sequências mais longas hibridizam especificamente em temperaturas mais altas. A taxa máxima de hibridização é obtida a partir de cerca de 16° C até 32° C abaixo da T_m. A presença de cátions monovalentes na solução de hibridização reduz a repulsão eletrostática entre os dois filamentos da SEQuência de ácido nucléico promovendo deste modo a formação de híbrido; este efeito é visível para as concentrações de sódio de até 0,4 M (para concentrações mais altas, este efeito pode ser ignorado). A formamida reduz a temperatura de fusão de duplexes de DNA-DNA e DNA-RNA com 0,6 a 0,7° C para cada porcentagem de formamida e a adição de 50 % de formamida permite que a hibridização seja realizada de 30 a 45° C, embora a taxa de hibridização será diminuída. Os desemparelhamentos de par de base reduzem a taxa de

hibridização e a estabilidade térmica dos duplexes. Em média e para sondas grandes, a Tm diminui cerca de 1° C por % de desemparelhamento de base. A Tm pode ser calculada usando as seguintes equações, dependendo dos tipos de híbridos:

1) Híbridos de DNA-DNA (Meinkoth e Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

$T_m = 81,5° C + 16,6 \times \log_{10}[Na^+]^a + 0,41 \times \%[G/C^b] - 500 \times [L^c]^{-1} - 0,61 \times \%$ de formamida

2) Híbridos de DNA-RNA ou RNA-RNA:

$T_m = 79,8 + 18,5 (\log_{10}[Na^+]^a) + 0,58 (\%G/C^b) + 11,8 (\%G/C^b)^2 - 820/L^c$

3) híbridos de oligo-DNA ou oligo-RNA[d]:

Para < 20 nucleotídeos: $T_m = 2 (l_n)$

Para 20 a 35 nucleotídeos: $T_m = 22 + 1,46 (l_n)$

[a] ou para outro cátion monovalente, mas apenas preciso na faixa de 0,01 a 0,4 M.

[b] apenas preciso para %GC na faixa de 30 % a 75 %.

[c] L = comprimento do duplex em pares de base.

[d] oligo, oligonucleotídeo; l_n, = comprimento eficaz de preparador = $2\times(n^o$ de G/C) + (n^o de A/T).

A ligação não específica pode ser controlada usando qualquer uma de várias técnicas conhecidas tais como, por exemplo, bloqueio da membrana com soluções contendo proteína, adições de RNA, DNA e SDS heterólogos ao tampão de hibridização e tratamento com Rnase. Para as sondas não homólogas, uma série de hibridizações pode ser realizada variando-se um de (i) diminuir progressivamente a temperatura de recozimento (por exemplo de 68° C a 42° C) ou (ii) diminuir progressivamente a concentração de formamida (por exemplo de 50 % a 0 %). O técnico habilitado está ciente de vários parâmetros que podem ser alterados

durante a hibridização e que manterão ou mudarão as condições de severidade.

Além das condições de hibridização, a especificidade da hibridização típicamente também depende da função das lavagens de pós hibridização. Para remover o fundo que resulta da hibridização não específica, as amostras são lavadas com soluções salinas diluídas. Os fatores críticos de tais lavagens incluem a concentração iônica e temperatura da solução de lavagem final: quanto mais baixa a concentração salina e quanto mais alta a temperatura de lavagem, mais alta a severidade da lavagem. As condições de lavagem são típicamente realizadas na ou abaixo da severidade de hibridização. Uma hibridização positiva dá um sinal que é pelo menos duas vezes daquele do fundo. No geral, as condições severas adequadas para os ensaios de hibridização da SEQuência de ácido nucléico ou procedimentos de detecção da amplificação de gene são como apresentados acima. Condições mais ou menos severas também podem ser selecionadas. O técnico habilitado está ciente de vários parâmetros que podem ser alterados durante a lavagem e que manterá ou mudará as condições de severidade.

Por exemplo, as condições de hibridização de severidade alta típicas para híbridos de DNA mais longos do que 50 nucleotídeos abrangem a hibridização a 65° C em 1x SSC ou a 42° C em 1x SSC e 50 % de formamida, seguida pela lavagem a 65° C em 0,3x SSC. Os exemplos de condições de hibridização de severidade média para híbridos de DNA mais longos do que 50 nucleotídeos abrangem a hibridização a 50° C em 4x SSC ou a 40° C em 6x SSC e 50 % de formamida, seguido pela lavagem a 50° C em 2x SSC. O comprimento do híbrido é o comprimento previsto para o ácido nucléico hibridizante. Quando moléculas de ácido nucléico da SEQuência conhecida são hibridizados, o comprimento do híbrido pode ser determinado alinhando-se as sequências e identificando as regiões conservadas aqui descritas. 1× SSC é 0,15 M de NaCl e 15 mM de citrato de sódio; a solução de hibridização

e as soluções de lavagem podem adicionalmente incluir 5x reagente de Denhardt, 0,5 a 1,0 % de SDS, 100 μg/ml de DNA de esperma de salmão desnaturado, fragmentado, 0,5 % de pirofosfato de sódio.

Para os propósitos de definir o nível de severidade, referência pode ser feita a Sambrook *et al.* (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nova Iorque ou a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989 e as atualizações anuais).

Variante de junção

O termo "variante de junção" como aqui usado abrange variantes de uma sequência de ácido nucléico em que introns e/ou exons selecionados foram excisados, substituídos, deslocados ou adicionados ou em que introns foram encurtados ou encompridados. Tais variantes serão aquelas em que a atividade biológica da proteína é substancialmente retida; isto pode ser obtido retendo-se seletivamente segmentos funcionais da proteína. Tais variantes de junção podem ser encontradas na natureza ou podem ser sintéticas. Os métodos para prognosticar e isolar tais variantes de junção são bem conhecidas na técnica (ver por exemplo Foissac e Schiex (2005) BMC Bioinformatics 6: 25).

Variante Alélica

Alelos ou variantes alélicas são formas alternativas de um dado gene, localizado na mesma posição cromossômica. As variantes alélicas abrangem Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs), assim como Polimorfismos de Inserção/Deleção Pequenas (INDELs). O tamanho dos INDELs é usualmente menor do que 100 pares de base. SNPs e INDELs formam o maior conjunto de variantes da SEQuência nas quais cepas polimórficas ocorrem naturalmente da maioria dos organismos.

Embaralhamento de gene/Evolução direcionada

O embaralhamento de gene ou evolução direcionada consistem

de iterações de embaralhamento de DNA seguidas pela triagem e/ou seleção apropriadas para gerar variantes da SEQuências de ácido nucléico ou porções destas que codificam proteínas tendo uma atividade biológica modificada (Castle *et al.*, (2004) Science 304(5674): 1151-4; Patentes US 5,811,238 e 6,395,547).

Elemento regulador/Sequência de controle/Promotor

Os termos "elemento regulador", "sequência de controle" e "promotor" são todos aqui usados intercambiavelmente e devem ser interpretados em um contexto amplo para se referir à sequência reguladora de ácidos nucléicos capazes de efetuar a expressão das sequências às quais eles estão ligados. O termo "promotor" tipicamente refere-se a uma sequência de controle da sequência de ácido nucléico localizada a montante do início transcricional de um gene e que está envolvido no reconhecimento e ligação da RNA polimerase e outras proteínas, direcionando deste modo a transcrição de um ácido nucléico operavelmente ligado. Abrangido pelos termos anteriormente mencionados estão as sequências reguladoras transcricionais derivadas de um gene genômico eucariótico clássico (incluindo a caixa TATA que é requerida para o início de transcrição preciso, com ou sem uma sequência da caixa CCAAT) e reguladores de elemento adicionais (isto é sequências que ativam a montante, realçadores e silenciadores) que alteram a expressão de gene em resposta aos estímulos desenvolvimentais e/ou externos ou em uma maneira específica de tecido. Também incluídos dentro do termo está uma sequência reguladora transcricional de um gene procariótico clássico, caso este em que o mesmo pode incluir uma sequência de caixa -35 e/ou sequências reguladoras transcricionais da caixa -10. O termo "elemento regulador" também abrange uma molécula ou derivado de fusão sintética que conferem, ativam ou aumentam a expressão de uma molécula da sequência de ácido nucléico em uma célula, tecido ou órgão.

Um "promotor vegetal" compreende elementos reguladores,

que medeiam a expressão de um segmento da SEQuência codificador em célula vegetais. Consequentemente, um promotor vegetal não precisa ser de origem vegetal, mas pode originar-se de vírus ou microorganismos, por exemplo de vírus que atacam células vegetais. O "promotor vegetal" preferivelmente origina-se de uma célula vegetal, por exemplo da planta que é transformada com a sequência de ácido nucléico a ser expressada no processo da invenção e aqui descrita. Isto também se aplica a outros sinais reguladores "vegetais", tais como terminadores "vegetais". Os promotores montante das sequências de nucleotídeo úteis nos métodos da presente invenção podem ser modificados por uma ou mais substituições, inserções e/ou deleções de nucleotídeo sem interferir com a funcionalidade ou atividade dos promotores, a matriz de leitura aberta (ORF) ou a região reguladora 3' tais como terminadores ou outras regiões reguladoras 3' que estão localizadas fora da ORF. É além disso possível que a atividade dos promotores seja aumentada pela modificação da sua sequência ou que seja completamente recolocada pelos promotores mais ativos, mesmo promotores de organismos heterólogos. Para a expressão em plantas, a molécula da sequência de ácido nucléico, como descrita acima, deve ser operavelmente ligada ao ou compreender um promotor adequado que expressa o gene no ponto certo no tempo e com o padrão de expressão espacial requerido.

Para a identificação de promotores funcionalmente equivalentes, a força e/ou o padrão de expressão do promotor de um promotor candidato podem ser analisados por exemplo ligando-se operavelmente o promotor a um gene repórter e ensaiando o nível de expressão e padrão do gene repórter em vários tecidos da planta. Os genes repórter adequados bem conhecidos incluem por exemplo beta-glicuronidase ou beta-galactosidase. A atividade de promotor é ensaiada medindo-se a atividade enzimática da beta-glicuronidase ou beta-galactosidase. A força e/ou o padrão de expressão do promotor podem ser depois comparados com aquele de um promotor de

referência (tal como aquele usado nos métodos da presente invenção). Alternativamente, a força do promotor pode ser ensaiada quantificando-se os níveis de mRNA ou comparando-se os níveis de mRNA da sequência de ácido nucléico usada nos métodos da presente invenção, com os níveis de mRNA de genes de manutenção tais como 18S rRNA, usando métodos conhecidos na técnica, tais como Northern blotting com a análise densitométrica de autorradiogramas, PCR em tempo real quantitativa ou RT-PCR (Heid *et al.*, 1996 Genome Methods 6: 986-994). No geral por "promotor fraco" é intencionado um promotor que direciona a expressão de uma sequência codificadora em um nível baixo. por "nível baixo" é intencionado em níveis de cerca de 1/10.000 transcritos a cerca de 1/100.000 transcritos, a cerca de 1/500.0000 transcritos por célula. Ao contrário, um "promotor forte" direciona a expressão de uma sequência codificadora em nível alto ou de cerca de 1/10 transcritos a cerca de 1/100 transcritos a cerca de 1/1000 transcritos per célula. No geral, por "promotor de força média" é intencionado um promotor que direcione a expressão de uma sequência codificadora em um nível que esteja em todos os casos abaixo daquele obtido sob o controle de um promotor de 35S CaMV.

Operavelmente ligada

O termo "operavelmente ligada" como aqui usado refere-se a uma ligação funcional entre a sequência promotora e o gene de interesse, tal que a sequência promotora seja capaz de iniciar a transcrição do gene de interesse.

Promotor Constitutivo

Um "promotor constitutivo" refere-se a um promotor que é transcricionalmente ativo durante a maior parte, mas não necessariamente todas, das fases de cultivo e desenvolvimento e sob a maior parte das condições ambientais, em pelo menos uma célula, tecido ou órgão. A Tabela 2a abaixo dá exemplos de promotores constitutivos.

Tabela 2a: Exemplos de promotores constitutivos

Fonte de Gene	Referência
Actina	McElroy *et al*, Plant Cell, 2: 163-171, 1990
HMGB	WO 2004/070039
GOS2	de Pater *et al*, Plant J Nov;2(6):837-44, 1992, WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen *et al*, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Ciclofilina do Arroz	Buchholz *et al*, Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
Histona H3 do milho	Lepetit *et al*, Mol. Gen. Genet. 231: 276-285, 1992
Histona H3 da alfafa	Wu *et al*. Plant Mol. Biol. 11: 641-649, 1988
Actina 2	An *et al*, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
Subunidade pequena de Rubisco	US 4.962.028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain *et al*., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain *et al*., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
V-ATPase	WO 01/14572
Proteínas de caixa G	WO 94/12015
CAMV 35S	Odell *et al*, Nature, 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson *et al*., Physiol. Plant. 100:456-462, 1997
34S FMV	Sanger *et al*., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
nos	Shaw *et al*. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831-7846

Promotor Ubíquo

Um promotor ubíquo é ativo substancialmente em todos os tecidos ou células de um organismo.

Promotor desenvolvimentalmente regulado

Um promotor desenvolvimentalmente regulado é ativo durante certos estágios de desenvolvimento ou em partes da planta que sofrem mudanças desenvolvimentais.

Promotor indutível

Um promotor indutível tem início de transcrição induzido ou aumentado em resposta a um produto químico (para uma revisão ver Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol Biol., 48: 89-108), o estímulo ambiental ou físico pode ser "indutível pelo estresse", isto é ativado quando uma planta é exposta a várias condições de estresse ou um "indutível por patógeno" isto é ativado quando uma planta é exposta à exposição aos vários patógenos.

Promotor específico de órgão/ promotor específico de tecido

Um promotor específico de órgão ou específico de tecido é um que é capaz de preferencialmente iniciar a transcrição em certos órgãos ou tecidos, tais como as folhas, raízes, tecido de semente etc. Por exemplo, um "promotor específico de raiz" é um promotor que é transcricionalmente ativo predominantemente em raízes de planta, substancialmente para a exclusão de qualquer outras partes de uma planta, embora ainda permita qualquer expressão mal vedada nestas outras partes de planta. Os promotores capazes de iniciar aminoácido transcrição em certas células apenas são aludidos aqui como "específicos de célula".

Os exemplos de promotores específicos de raiz são listados na Tabela 2b abaixo:

Tabela 2b: Exemplos de promotores específicos de raiz

Fonte do Gene	Referência
RCc3 do Arroz	Xu *et al* (1995) Plant Mol Biol 27(2): 237-48
Transportador de fosfato de Arabidopsis PHT1	Kovama *et al*., 2005
Transportador de fosfato de Medicago	Xiao *et al*., 2006
Arabidopsis Pyk10	Nitz *et al*. (2001) Plant Sci 161(2): 337-346
Genes específicos da raiz do Tabaco RB7, RD2, RD5, RH12	Conkling *et al*. (1990) Plant Phys 93(3): 1203-1211
Lectina específica de raiz da cevada	Lerner & Raikhel (1989) Plant Phys 91: 124-129
Proteína rica em hidróxi-prolina específica de raiz	Keller & Lamb (1989) Genes & Dev 3: 1639-1646
Arabidopsis CDC27B/hobbit	Blilou *et al*. (2002) Genes & Dev 16: 2566-2575

Um promotor específico de semente é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido de semente, mas não necessariamente de modo exclusivo em tecido de semente (em casos de expressão mal vedada). O promotor específico de semente pode ser ativo durante o desenvolvimento da semente e/ou durante a germinação. Os exemplos de promotores específicos de semente são mostrados na Tabela 2c abaixo. Outros exemplos de promotores específicos de semente são dados em Qing Qu e Takaiwa (Plant

Biotechnol. J. 2, 113-125, 2004), divulgação esta que é incorporada aqui por referência como se totalmente apresentada.

Tabela 2c: Exemplos de promotores específicos de semente

Fonte do gene	Referência
genes específicos de semente	Simon *et al.*, Plant Mol Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield *et al.*, J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987.;
	Baszczynski *et al.*, Plant Mol Biol. 14: 633, 1990.
Albumina da castanha do Pará	Pearson *et al.*, Plant Mol Biol. 18: 235-245, 1992.
Legumina	Ellis *et al.*, Plant Mol Biol. 10: 203-214, 1988.
Glutelina (arroz)	Takaiwa *et al.*, Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986;
	Takaiwa *et al.*, FEBS Letts. 221: 43-47, 1987.
Zeina	Matzke *et al* Plant Mol Biol, 14(3): 323-32 1990
NapA	Stalberg *et al*, Plant 199: 515-519, 1996.
Glutelina I LMW e HMW do trigo	Mol Gen Genet 216: 81-90, 1989; NAR 17: 461-2, 1989
SPA do trigo	Albani *et al*, Plant Cell, 9: 171-184, 1997
α, β, γ-gliadinas do trigo	EMBO J. 3: 1409-15, 1984
Promotor Itr1 da cevada	Diaz *et al.* (1995) Mol Gen Genet 248(5): 592-8
B1, C, D, hordeína da cevada	Theor Appl Gen 98: 1253-62, 1999; Plant J 4: 343-55, 1993; Mol Gen Genet 250: 750-60, 1996
DOF da cevada	Mena *et al*, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998
blz2	EP99106056.7
Promotor sintético	Vicente-Carbajosa *et al.*, Plant J. 13: 629-640, 1998.
prolamina do arroz NRP33	Wu *et al*, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
α-globulina do arroz Glb-1	Wu *et al*, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
OSH1 do arroz	Sato *et al*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
α-globulina do arroz REB/OHP-1	Nakase *et al.* Plant Mol Biol. 33: 513-522, 1997
ADP-glicose pirofosforilase do arroz	Trans Res 6: 157-68, 1997
Família do gene ESR do milho	Plant J 12: 235-46, 1997
α-cafirina do sorgo	DeRose *et al.*, Planta Mol. Biol 32: 1029-35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma *et al*, Plant Mol Biol. 39:

	257-71, 1999
Oleosina do arroz	Wu *et al*, J. Biochem. 123: 386, 1998
Oleosina do girassol	Cummins *et al*., Plant Mol Biol. 19: 873-876, 1992
PRO0117, proteína ribossômica 40S putativa do arroz	WO 2004/070039
PRO0136, alanina amino-transferase do arroz	não publicado
PRO0147, inibidor da tripsina ITR1 (cevada)	não publicado
PRO0151, arroz WSI18	WO 2004/070039
PRO0175, arroz RAB21	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
α-amilase (Amy32b)	Lanahan *et al*, Plant Cell 4: 203-211, 1992; Skriver *et al*, Proc Natl Acad Sci USA 88: 7266-7270, 1991
Gene equivalente à β catepsina	Cejudo *et al*, Plant Mol Biol 20: 849-856, 1992
Cevada Ltp2	Kalla *et al*., Plant J. 6: 849-60, 1994
Chi26	Leah *et al*., Plant J. 4: 579-89, 1994
Milho B-Peru	Selinger *et al*., Genetics 149;1125-38,1998

Um promotor específico de tecido verde como definido aqui é um promotor que é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido verde, substancialmente para a exclusão de qualquer uma das outras partes de um planta, embora ainda possibilite qualquer expressão mal vedada nestas outras partes de planta.

Os exemplos de promotores específicos de tecido verde que podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados na Tabela 2d abaixo.

Tabela 2d: Exemplos de promotores específicos de tecido verde

Gene	Expressão	Referência
Ortofosfato dicinase do milho	Específica de folha	Fukavama *et al*., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilase do milho	Específica de folha	Kausch *et al*., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilase do arroz	Específica de folha	Liu *et al*., 2003
Subunidade pequena de Rubisco do arroz	Específica de folha	Nomura *et al*., 2000
beta expansina EXBP9 do arroz	Específica de broto	WO 2004/070039
Subunidade pequena de Rubisco do guandu	Específica de folha	Panguluri *et al*., 2005
RBCS3A da ervilha	Específica de folha	

Um outro exemplo de um promotor específico de tecido é um promotor específico de meristema, que é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido meristemático, substancialmente para a exclusão de qualquer outra das partes de uma planta, enquanto ainda permite qualquer expressão mal vedada nestas outras partes da planta. Os exemplos de promotores verdes específicos de meristema que podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados na Tabela 2e abaixo.

Tabela 2e: Exemplos de promotores específicos de meristema

Fonte do gene	Padrão de expressão	Referência
OSH1 do arroz	Meristema apical de broto, do estágio globular do embrião para o estágio de muda	Sato *et al.* (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122
Metalotioneína do arroz	Específica de meristema	BAD87835.1
WAK1 & WAK 2	Meristemas de broto e raiz apical e nas folhas e sépalas que se expandem	Wagner & Kohorn (2001) Plant Cell 13(2): 303-318

Terminador

O termo "terminador" abrange uma sequência de controle que é uma sequência de DNA no final de uma unidade transcricional que sinaliza o processamento 3' e poliadenilação de um transcrito primário e terminação de transcrição. O terminador pode ser derivado do gene natural, de uma variedade de outros genes vegetais ou de T-DNA. O terminador a ser adicionado pode ser derivado, por exemplo, dos genes da nopalina sintase ou octopina sintase ou alternativamente de um outro gene vegetal ou menos preferivelmente de qualquer outro gene eucariótico.

Modulação

O termo "modulação" significa em relação a expressão ou expressão de gene, um processo em que o nível de expressão é mudado pela dita expressão de gene em comparação com a planta de controle, o nível de expressão pode ser aumentado ou diminuído. A expressão original, não modulada pode ser de qualquer tipo de expressão de um RNA estrutural

(rRNA, tRNA) ou mRNA com tradução subsequente. O termo "modular a atividade" deve significar qualquer mudança da expressão das sequências de ácido nucléico da invenção ou proteínas codificadas, que leva ao rendimento aumentado e/ou crescimento aumentado das plantas.

Expressão

O termo "expressão" ou "expressão de gene" significa a transcrição de um gene específico ou genes específicos ou construção genética específica. O termo "expressão" ou "expressão de gene" em particular significa a transcrição de um gene ou genes ou construção genética em RNA estrutural (rRNA, tRNA) ou mRNA com ou sem tradução subsequente do último em uma proteína. O processo inclui a transcrição de DNA e processamento do produto de mRNA resultante.

Expressão aumentada/superexpressão

Os termos "expressão aumentada" ou "superexpressão" como aqui usados significam qualquer forma de expressão que seja adicional ao nível de expressão do tipo selvagem original.

Os métodos para aumentar a expressão de genes ou produtos de gene são bem documentados na técnica e incluem, por exemplo, a superexpressão direcionada pelos promotores apropriados, o uso de realces de transcrição ou realces de tradução. Os ácidos nucléicos isolados que servem como promotor ou elementos de realce podem ser introduzidos em uma posição apropriada (tipicamente a montante) de uma forma não heteróloga de um polinucleotídeo de modo a supra-regular a expressão de um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo de interesse. Por exemplo, promotores endógenos podem ser alterados *in vivo* pela mutação, deleção e/ou substituição (ver, Kmiec, US 5.565.350; Zarling *et al.*, WO9322443) ou promotores isolados podem ser introduzidos em uma célula vegetal na orientação e distância apropriadas de um gene da presente invenção de modo a controlar a expressão do gene.

Se a expressão do polipeptídeo é desejada, é no geral desejável incluir uma região de poliadenilação na extremidade 3' de uma região que codifica o polinucleotídeo. A região de poliadenilação pode ser derivada do gene natural, de uma variedade de outros genes vegetais ou de T-DNA. A sequência da extremidade 3' a ser adicionada pode ser derivada, por exemplo, dos genes da nopalina sintase ou octopina sintase ou alternativamente de um outro gene vegetal ou menos preferivelmente de qualquer outro gene eucariótico.

Uma sequência de intron também pode ser adicionada à região 5' não traduzida (UTR) ou a sequência codificadora da sequência codificadora parcial para aumentar a quantidade da mensagem madura que acumula no citossol. A inclusão de um intron encaixável na unidade de transcrição nas construções de expressão tanto vegetal quanto animal tem sido mostrado aumentar expressão de gene tanto ao nível de mRNA quanto de proteína até 1000 vezes (Buchman e Berg (1988) Mol. Cell Biol. 8: 4395-4405; Callis *et al.* (1987) Genes Dev 1: 1183-1200). Tal realce de intron da expressão de gene é tipicamente maior quando colocado próximo à extremidade 5' da unidade de transcrição. O uso dos introns do milho, os intron 1, 2 e 6 de Adh1-S, o intron Bronze-1 são conhecidos na técnica. Para informação geral ver: The Maize Handbook, Capítulo 116, Freeling and Walbot, Eds., Sumerer, N.Y. (1994).

Gene endógeno

Referência aqui a um gene "endógeno" não apenas refere-se ao gene em dúvida como encontrado em uma planta na sua forma natural (isto é, sem que haja nenhuma intervenção humana), mas também refere-se àquele mesmo gene (ou um ácido nucléico/gene substancialmente homólogo) em uma forma isolada subsequentemente (re)introduzida em uma planta (um transgene). Por exemplo, uma planta transgênica contendo um tal transgene pode encontrar uma redução substancial da expressão de transgene e/ou

redução substancial da expressão do gene endógeno. O gene isolado pode ser isolado de um organismo ou pode ser sintético, por exemplo pela síntese química.

Expressão diminuída

Referência aqui a "expressão diminuída" ou "redução ou eliminação substancial" de expressão é considerada significar uma diminuição na expressão endógena de gene e/ou níveis de polipeptídeo e/ou atividade de polipeptídeo em relação às plantas de controle. A redução ou eliminação substancial é em ordem crescente de preferência de pelo menos 10 %, 20 %, 30 %, 40 % ou 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 % ou 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % ou mais de redução comparado com as plantas de controle.

Para a redução ou eliminação substancial de expressão de um gene endógeno em uma planta, um comprimento suficiente de nucleotídeos substancialmente contíguos de uma sequência de ácido nucléico é requerido. De modo a realizar o silenciamento de gene, este pode ser tão pouco quanto 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 ou menos nucleotídeos, alternativamente isto pode ser tanto quanto o gene inteiro (incluindo a 5' e/ou 3' UTR, em parte ou no todo). O trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos pode ser derivado do ácido nucléico que codifica a proteína de interesse (gene alvo) ou de qualquer ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse. Preferivelmente, o trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos é capaz de formar ligações de hidrogênio com o gene alvo (filamento de sentido ou de anti-sentido), mais preferivelmente, o trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos tem, em ordem crescente de preferência, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 100 % de identidade da SEQuência com o gene alvo (filamento de sentido ou de anti-sentido). Uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo (funcional) não é uma exigência para os vários métodos debatidos aqui para a redução ou eliminação substancial da

expressão de um gene endógeno.

Esta redução ou eliminação substancial de expressão pode ser obtida usando ferramentas e técnicas de rotina. Um método para a redução ou eliminação substancial de expressão de gene endógeno é pelo silenciamento mediado pelo RNA usando uma repetição invertida de uma sequência de ácido nucléico ou uma parte desta (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse, ou de qualquer sequência de ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse), preferivelmente capaz de formar uma estrutura de grampo de cabelo. Um outro exemplo de um método de silenciamento de RNA envolve a introdução da SEQuências de ácido nucléico ou partes destas (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse, ou de qualquer sequência de ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse) em um orientação de sentido em uma planta. Um outro exemplo de um método de silenciamento de RNA envolve o uso da SEQuências de ácido nucléico de anti-sentido. O silenciamento de gene também pode ser obtido pela mutagênese de inserção (por exemplo, inserção de T-DNA ou inserção de transposon) ou pelas estratégias como descritas, entre outros, por Angell e Baulcombe ((1999) Plant J 20(3): 357-62), (Amplicon VIGS WO 98/36083), ou Baulcombe (WO 99/15682). Outros métodos, tais como o uso de anticorpos direcionados a um polipeptídeo endógeno para inibir a sua função em planta, ou interferência no caminho de sinalização em que um polipeptídeo está envolvido, será bem conhecido pelo técnico habilitado. microRNAs (miRNAs) artificiais e/ou naturais podem ser usados para silenciar a expressão de gene e/ou tradução de mRNA. miRNAs endógenos são RNAs pequenos de filamento único tipicamente de 19 a 24 nucleotídeos de comprimento.

Esta redução ou eliminação substancial de expressão pode ser

obtida usando ferramentas e técnicas de rotina. Um método preferido para a redução ou eliminação substancial da expressão endógena de gene é pela introdução e expressão em uma planta de uma construção genética na qual o ácido nucléico (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse ou de qualquer ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das proteínas de interesse) é clonado como uma repetição invertida (em parte ou completamente), separada por um espaçador (que não codifica DNA).

Em um tal método preferido, a expressão do gene endógeno é reduzida ou substancialmente eliminada através do silenciamento mediado pelo RNA usando uma repetição invertida de um ácido nucléico ou uma parte deste (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse ou de qualquer ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse), preferivelmente capaz de formar uma estrutura de grampo de cabelo. A repetição invertida é clonada em um vetor de expressão que compreenda SEQuências de controle. Uma sequência de ácido nucléico que não codifica DNA (um espaçador, por exemplo um fragmento da região de ligação de matriz (MAR), um intron, um poliligador, etc.) está localizada entre os dois ácidos nucléicos invertidos formando a repetição invertida. Depois da transcrição da repetição invertida, um RNA quimérico com uma estrutura auto-complementar é formada (parcial ou completa). Esta estrutura de RNA de filamento duplo é aludida como o RNA grampo de cabelo (hpRNA). O hpRNA é processado pela planta em siRNAs que são incorporados em um complexo silenciador induzido pelo RNA (RISC). O RISC cliva ainda os transcritos de mRNA, deste modo reduzindo substancialmente o número de transcritos de mRNA a serem traduzidos em polipeptídeos. Para detalhes mais gerais ver por exemplo, Grierson *et al.* (1998) WO 98/53083; Waterhouse *et al.* (1999) WO 99/53050).

O desempenho dos métodos da invenção não contam com a introdução e expressão em uma planta de uma construção genética na qual o ácido nucléico é clonado como uma repetição invertida, mas qualquer um ou mais de vários métodos de "silenciamento de gene" bem conhecidos pode ser usado para se obter os mesmos efeitos.

Um tal método para a redução da expressão endógena de gene é o silenciamento mediado pelo RNA da expressão de gene (infra-regulagem). O silenciamento neste caso é deflagrado em uma planta por uma sequência de RNA de filamento duplo (dsRNA) que é substancialmente similar ao gene endógeno alvo. Este dsRNA é ainda processado pela planta em cerca de 20 a cerca de 26 nucleotídeos chamados RNAs interferentes curtos (siRNAs). Os siRNAs são incorporados em um complexo de silenciamento induzido por RNA (RISC) que cliva o transcrito de mRNA do gene alvo endógeno, reduzindo substancialmente deste modo o número de transcritos de mRNA a serem traduzidos em um polipeptídeo. Preferivelmente, a sequência de RNA de filamento duplo corresponde a um gene alvo.

Um outro exemplo de um método de silenciar RNA envolve a introdução das sequências de ácido nucléico ou partes destas (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse ou de qualquer ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse) em uma orientação de sentido em uma planta. "Orientação de sentido" refere-se a uma sequência de DNA que é homólogo a um transcrito de mRNA desta. Introduzida em uma planta portanto seria pelo menos uma cópia da sequência de ácido nucléico. A sequência de ácido nucléico adicional reduzirá a expressão do gene endógeno, dando origem a um fenômeno conhecido como co-supressão. A redução da expressão de gene será mais pronunciada se várias cópias adicionais de uma sequência de ácido nucléico forem introduzidas na planta, visto que existe uma correlação positiva entre níveis de transcrito altos e a deflagração da co-

supressão.

Um outro exemplo de um método de silenciar RNA envolve o uso da SEQuências de ácido nucléico de anti-sentido. Uma sequência de ácido nucléico de "anti-sentido" compreende uma sequência de nucleotídeo que é complementar a uma sequência de ácido nucléico de "sentido" que codifica uma proteína, isto é complementar ao filamento codificador de uma molécula de cana de filamento duplo ou complementar a uma sequência transcrita de mRNA. A sequência de ácido nucléico de anti-sentido é preferivelmente complementar ao gene endógeno a ser silenciado. A complementaridade pode ser localizada na "região codificadora" e/ou na "região não codificadora" de um gene. O termo "região codificadora" refere-se a uma região da sequência de nucleotídeo que compreende códons que são traduzidos em resíduos de aminoácido. O termo "região não codificadora" refere-se às sequências de 5' e 3' que flanqueiam a região codificadora que são transcritas mas não traduzidas em aminoácidos (também aludidas como regiões não traduzidas 5' e 3').

As sequências de ácido nucléico de anti-sentido podem ser planejadas de acordo com as regras de emparelhamento de base de Watson e Crick. A sequência de ácido nucléico de anti-sentido pode ser complementar à sequência de ácido nucléico inteira (neste caso um trecho de nucleotídeos substancialmente contíguos derivados do gene de interesse ou de qualquer ácido nucléico capaz de codificar um ortólogo, parálogo ou homólogo da proteína de interesse), mas também podem ser um oligonucleotídeo que seja de anti-sentido a apenas uma parte da sequência de ácido nucléico (incluindo a 5' e 3' UTR de mRNA). Por exemplo, a sequência de oligonucleotídeo de anti-sentido pode ser complementar à região que circunda o sítio de início de tradução de um transcrito de mRNA que codifica um polipeptídeo. O comprimento de uma sequência de oligonucleotídeo de anti-sentido adequada é conhecida na técnica e pode começar de cerca de 50, 45, 40, 35, 30, 25, 20,

15 ou 10 nucleotídeos no comprimento ou menos. Uma sequência de ácido nucléico de anti-sentido de acordo com a invenção pode ser construído usando a síntese química e reações de ligação enzimática usando métodos conhecidos na técnica. Por exemplo, uma sequência de ácido nucléico de anti-sentido (por exemplo, uma sequência de oligonucleotídeo de anti-sentido) pode ser quimicamente sintetizada usando nucleotídeos que ocorrem naturalmente ou nucleotídeos variadamente modificados planejados para aumentar a estabilidade biológica das moléculas ou aumentar a estabilidade física do duplex formado entre as sequências de ácido nucléico de anti-sentido e de sentido, por exemplo, derivados de fosforotioato e nucleotídeos substituídos com acridina podem ser usados. Os exemplos de nucleotídeos modificados que podem ser usados para gerar as sequências de ácido nucléico de anti-sentido são bem conhecidos na técnica. as modificações de nucleotídeo conhecidas incluem metilação, ciclização e '*caps*' e substituição de um ou mais dos nucleotídeos que ocorrem naturalmente com um análogo tal como inosina. Outras modificações de nucleotídeos são bem conhecidas na técnica.

A sequência de ácido nucléico de anti-sentido pode ser biologicamente produzida usando um vetor de expressão em que uma sequência de ácido nucléico foi subclonado em uma orientação de anti-sentido (isto é, o RNA transcrito a partir do ácido nucléico inserido será de uma orientação de anti-sentido em relação a um ácido nucléico alvo de interesse). Preferivelmente, a produção da SEQuências de ácido nucléico de anti-sentido em plantas ocorre por meio de uma construção de ácido nucléico estavelmente integrado que compreende um promotor, um oligonucleotídeo de anti-sentido operavelmente ligado e um terminador.

As moléculas de ácido nucléico usadas para o silenciamento nos métodos da invenção (se introduzidas em uma planta ou geradas *in situ*) hibridizam com ou se ligam aos transcritos de mRNA e/ou DNA genômico

que codifica um polipeptídeo para inibir deste modo a expressão da proteína, por exemplo, pela inibição da transcrição e/ou tradução. A hibridização pode ser pela complementaridade de nucleotídeo convencional para formar um duplex estável, ou, por exemplo, no caso de uma sequência de ácido nucléico de anti-sentido que se liga aos duplexes de DNA, através de interações específicas na ranhura maior da hélice dupla. Sequências de ácido nucléico de anti-sentido podem ser introduzidas em uma planta pela transformação ou injeção direta em um sítio de tecido específico. Alternativamente, as sequências de ácido nucléico de anti-sentido podem ser modificadas para células selecionados alvo e depois sistemicamente administradas. Por exemplo, para a administração sistêmica, as sequências de ácido nucléico de anti-sentido podem ser modificadas tal que elas especificamente se ligam aos receptores ou antígenos expressados em uma superfície de célula selecionada, por exemplo, pela ligação da sequência de ácido nucléico de anti-sentido aos peptídeos ou anticorpos que se ligam aos receptores de superfície de célula ou antígenos. As sequências de ácido nucléico de anti-sentido também podem ser liberadas às células usando os vetores aqui descritos.

De acordo com um outro aspecto, a sequência de ácido nucléico de anti-sentido é uma sequência de ácido nucléico a-anomérica. Uma sequência de ácido nucléico a-anomérica forma híbridos específicos de filamento duplo com RNA complementar em que, ao contrário das unidades b usuais, os filamentos correm paralelos um ao outro (Gaultier *et al.* (1987) Nucl Ac Res 15: 6625-6641). A sequência de ácido nucléico de anti-sentido também pode compreender um 2'-o-metilribonucleotídeo (Inoue *et al.* (1987) Nucl Ac Res 15, 6131-6148) ou um análogo de RNA-DNA quimérico (Inoue *et al.* (1987) FEBS Lett. 215, 327-330).

A redução ou eliminação substancial de expressão endógena de gene também podem ser realizadas usando ribozimas. As ribozimas são moléculas de RNA catalíticas com atividade de ribonuclease que são capazes

de clivar uma sequência de ácido nucléico de filamento único, tal como um mRNA, ao qual elas têm uma região complementar. Assim, as ribozimas (por exemplo, ribozimas cabeça de martelo (descrito em Haselhoff e Gerlach (1988) Nature 334, 585-591) podem ser usadas para clivar cataliticamente transcritos de mRNA que codificam um polipeptídeo, reduzindo substancialmente deste modo o número de transcritos de mRNA a serem traduzidos em um polipeptídeo. Uma ribozima tendo especificidade para uma sequência de ácido nucléico pode ser planejada (ver por exemplo: Cech *et al.* Patente U.S. Nº 4.987.071; e Cech *et al.* Patente U.S. Nº 5.116.742). Alternativamente, os transcritos de mRNA que correspondem a uma sequência de ácido nucléico podem ser usados para selecionar um RNA catalítico tendo uma atividade de ribonuclease específica a partir de uma reunião de moléculas de RNA (Bartel e Szostak (1993) Science 261, 1411-1418). O uso de ribozimas para o silenciamento de gene em plantas é conhecido na técnica (por exemplo, Atkins *et al.* (1994) WO 94/00012; Lenne *et al.* (1995) WO 95/03404; Lutziger *et al.* (2000) WO 00/00619; Prinsen *et al.* (1997) WO 97/13865 e Scott *et al.* (1997) WO 97/38116).

O silenciamento de gene também pode ser obtido pela mutagênese de inserção (por exemplo, inserção de T-DNA ou inserção de transposon) ou pelas estratégias como descritas, entre outros, por Angell e Baulcombe ((1999) Plant J 20(3): 357-62), (Amplicon VIGS WO 98/36083) ou Baulcombe (WO 99/15682).

O silenciamento de gene também pode ocorrer se houver uma mutação em um gene endógeno e/ou uma mutação em um gene/ácido nucléico isolados subsequentemente introduzidos em uma planta. A redução ou eliminação substancial pode ser causada por um polipeptídeo não funcional. Por exemplo, o polipeptídeo pode ligar-se a várias proteínas influenciadoras; uma ou mais mutações e/ou truncagens podem portanto fornecer um polipeptídeo que ainda é capaz de ligar proteínas influenciadoras

(tais como proteínas receptoras) mas que não pode exibir a sua função normal (tais como ligando de sinalização).

Um outro método para o silenciamento de gene é pelo alvejamento da SEQuências de ácido nucléico complementares à região reguladora do gene (por exemplo, o promotor e/ou realçador) para formar estruturas helicoidais triplas que impedem a transcrição do gene nas células alvo. Ver Heleno, C., Anticancer Drug Res. 6, 569-84, 1991; Helene *et al.*, Ann. N. Y. Acad. Sci. 660, 27-36 1992; e Maher, L. J. Bioassays 14, 807-15, 1992.

Outros métodos, tais como o uso de anticorpos direcionados a um polipeptídeo endógeno para inibir a sua função em planta ou interferência no caminho de sinalização em que um polipeptídeo está envolvido, será bem conhecido para o técnico habilitado. Em particular, pode ser considerado que moléculas sintéticas podem ser úteis para inibir a função biológica de um polipeptídeo alvo ou para interferir com o caminho de sinalização em que o polipeptídeo alvo é envolvido.

Alternativamente, um programa de triagem pode ser ajustado para identificar em um população de planta variantes naturais de um gene, variantes estas que codificam polipeptídeos com atividade reduzida. Tais variantes naturais também podem ser usadas por exemplo, para realizar a recombinação homóloga.

MicroRNAs (miRNAs) artificiais e/ou naturais podem ser usados para silenciar a expressão de gene e/ou tradução de mRNA. miRNAs endógenos são RNAs pequenos de filamento único tipicamente de 19 a 24 nucleotídeos de comprimento. Estes funcionam primariamente para regular a expressão de gene e/ ou tradução de mRNA. A maioria dos microRNAs (miRNAs) vegetais têm complementaridade perfeita ou quase perfeita com as suas sequências alvo. Entretanto, existem alvos naturais com até cinco desemparelhamentos. Estes são processados a partir de RNAs que não mais

codificam com estruturas dobradas para trás características pelas RNases específicas de filamento duplo da família Dicer. No processamento, eles são incorporados no complexo de silenciamento induzido pelo RNA (RISC) pela ligação ao seu componente principal, uma proteína Argonauta. MiRNAs servem como os componentes de especificidade de RISC, visto que eles formam par de base aos ácidos nucléicos alvos, principalmente mRNAs, no citoplasma. Os eventos reguladores subsequentes incluem a clivagem do mRNA alvo e a destruição e/ou inibição traducional. Os efeitos da superexpressão de miRNA são assim frequentemente refletidos em níveis de mRNA diminuídos de genes alvo.

Os microRNAs artificiais (amiRNAs), que têm tipicamente 21 nucleotídeos no comprimento, podem ser geneticamente engendrados especificamente para regular negativamente a expressão de gene de genes únicos ou múltiplos de interesse. Os determinantes da seleção de microRNA vegetal alvo são bem conhecidos na técnica. Os parâmetros empíricos para o reconhecimento alvo foram definidos e podem ser usados para ajudar no planejamento de amiRNAs específicos, (Schwab *et al.*, Dev. Cell 8, 517-527, 2005). As ferramentas convenientes para o planejamento e geração de amiRNAs e seus precursores também estão disponíveis para o público (Schwab *et al.*, Plant Cell 18, 1121-1133, 2006).

Para o desempenho ótimo, as técnicas de silenciamento de gene usadas para reduzir a expressão em uma planta de um gene endógeno requer o uso da SEQuências de ácido nucléico de plantas monocotiledôneas para a transformação de plantas monocotiledôneas e de plantas dicotiledôneas para a transformação de plantas dicotiledôneas. Preferivelmente, uma sequência de ácido nucléico de qualquer espécie vegetal dada é introduzida em que a mesma espécie. Por exemplo, uma sequência de ácido nucléico de arroz é transformada em uma planta de arroz. Entretanto, não é uma exigência absoluta que a sequência de ácido nucléico a ser introduzida se origine da

mesma espécie vegetal como a planta em que a mesma será introduzida. É suficiente que haja homologia substancial entre o gene alvo endógeno e o ácido nucléico a ser introduzido.

São descritos acima exemplos de vários métodos para a redução ou eliminação substancial de expressão em uma planta de um gene endógeno. Uma pessoa habilitada na técnica seria prontamente capaz de adaptar os métodos anteriormente mencionados para o silenciamento de modo a obter redução da expressão de um gene endógeno em uma planta inteira ou em partes desta através do uso de um promotor apropriado, por exemplo.

Marcador selecionável (gene)/Gene repórter

"Marcador selecionável", "gene marcador selecionável" ou "gene repórter" incluem qualquer gene que confere um fenótipo em uma célula em que o mesmo é expressado para facilitar a identificação e/ou a seleção de células que são transfectadas ou transformadas com uma construção de ácido nucléico da invenção. Estes genes marcadores possibilitam a identificação de uma transferência bem sucedida das moléculas da sequência de ácido nucléico por intermédio de uma série de princípios diferentes. Os marcadores adequados podem ser selecionados de marcadores que conferem resistência a antibiótico ou herbicida, que introduzem um novo traço metabólico ou que possibilite a seleção visual. Os exemplos de marcadores de gene selecionáveis incluem genes que conferem resistência aos antibióticos (tais como nptII que fosforila neomicina e canamicina ou hpt, que fosforila higromicina ou genes que conferem resistência, por exemplo, à bleomicina, estreptomicina, tetraciclina, cloranfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomicina ou blasticidina), aos herbicidas (por exemplo bar que fornece resistência a Basta®; aroA ou gox que fornecem resistência contra glifosato ou os genes que conferem resistência, por exemplo, à imidazolinona, fosfinotricina ou sulfoniluréia) ou genes que fornecem um traço metabólico (tais como manA que permite que as

plantas usem manose como fonte de carbono única ou xilose isomerase para a utilização de xilose ou marcadores antinutritivos tais como a resistência à 2-desoxiglicose). A expressão de genes marcadores visuais resulta na formação de cor (por exemplo β-glicuronidase, GUS ou β-galactosidase com seus substratos coloridos, por exemplo X-Gal), luminescência (tal como o sistema de luciferina/luciferase) ou fluorescência (Proteína Fluorescente Verde, GFP e derivados destes). Esta lista representa apenas um pequeno número de marcadores possíveis. O trabalhador habilitado está familiarizado com tais marcadores. Os marcadores diferentes são preferidos, dependendo do organismo e do método de seleção.

É conhecido que na integração estável ou transitória de ácidos nucléicos em células vegetais, apenas uma minoria das células captam o DNA estranho e, se desejado, o integra no seu genoma, dependendo do vetor de expressão usado e da técnica de transfecção usada. Para identificar e selecionar estes integrantes, um gene que codifica um marcador selecionável (tal como um daqueles descritos acima) é usualmente introduzido nas células hospedeiras junto com o gene de interesse. Estes marcadores por exemplo podem ser usados em mutantes em que estes genes não são funcionais, por exemplo, pela deleção pelos métodos convencionais. Além disso, as moléculas da sequência de ácido nucléico que codificam um marcador selecionável podem ser introduzidas em uma célula hospedeira no mesmo vetor que compreende a sequência que codifica os polipeptídeos da invenção ou usada nos métodos da invenção ou ainda em um vetor separado. As células que foram estavelmente transfectadas com o ácido nucléico introduzido podem ser identificadas por exemplo pela seleção (por exemplo, células que têm integradas o marcador selecionável sobrevivem ao passo que as outras células morrem).

Visto que os genes marcadores, particularmente os genes para a resistência aos antibióticos e herbicidas, não são mais requeridos ou são

indesejados na célula hospedeira transgênica uma vez que as sequências de ácido nucléico foram introduzidas com êxito, o processo de acordo com a invenção para a introdução das sequências de ácido nucléico vantajosamente utiliza técnicas que possibilitam a remoção ou excisão destes genes marcadores. Um tal método é aquele que é conhecido como co-transformação. O método de co-transformação utiliza dois vetores simultaneamente para a transformação, um vetor que carrega a sequência de ácido nucléico de acordo com a invenção e um segundo que carrega o(s) gene(s) marcador(es). Uma grande proporção de transformantes recebe ou, no caso de plantas, compreende (até 40 % ou mais dos transformantes), ambos os vetores. No caso de transformação com Agrobactérias, os transformantes usualmente recebem apenas uma parte do vetor, isto é a sequência flanqueada pelo T-DNA, que usualmente representa o cassete de expressão. Os genes marcadores podem ser subsequentemente removidos da planta transformada pela realização de cruzamentos. Em um outro método, os genes marcadores integrados em um transposon são usados para a transformação juntos com a sequência de ácido nucléico desejado (conhecido como a tecnologia Ac/Ds). Os transformantes podem ser cruzados com uma fonte de transposase ou os transformantes são transformados com uma construção da SEQuência de ácido nucléico que conferem expressão de uma transposase, transitoriamente ou estável. Em alguns casos (aprox. 10 %), o transposon pulam do genoma da célula hospedeira uma vez que a transformação tenha ocorrido com êxito e é perdido. Em um outro número de casos, o transposon pula para uma localização diferente. Nestes casos o gene marcador deve ser eliminado pela realização de cruzamentos. Em microbiologia, técnicas foram desenvolvidas que tornam possível ou facilitam, a detecção de tais eventos. Um outro método vantajoso conta com o que é conhecido como sistemas de recombinação; cuja vantagem é que a eliminação pelo cruzamento pode ser dispensado. O sistema melhor conhecido deste tipo é aquele que é conhecido

como o sistema Cre/lox. Cre1 é uma recombinase que remove as sequências localizadas entre as sequências loxP. Se o gene marcador é integrado entre as sequências loxP, o mesmo é removido uma vez que a transformação tenha ocorrido com êxito, pela expressão da recombinase. Outros sistemas de recombinação são o sistema HIN/HIX, FLP/FRT e REP/STB (Tribble *et al.*, J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255-22267; Velmurugan *et al.*, J. Cell Biol., 149, 2000: 553-566). Uma integração específica de sítio no genoma vegetal das sequências de ácido nucléico de acordo com a invenção é possível. Naturalmente, estes métodos também podem ser aplicados aos microorganismos tais como levedura, fungos ou bactérias.

Transgênicos/Transgene/Recombinante

Para os propósitos da invenção, "transgênicos", "transgene" ou "recombinante" significam com respeito, por exemplo, a uma sequência de ácido nucléico, um cassete de expressão, construção de gene ou um vetor que compreende a sequência de ácido nucléico ou um organismo transformado com as sequências de ácido nucléico, cassetes de expressão ou vetores de acordo com a invenção, todas estas construções foram realizadas pelos métodos recombinantes em que

(a) as sequências de ácido nucléico que codificam as proteínas úteis nos métodos da invenção, ou

(b) sequência(s) de controle genético que é/são operavelmente ligada(s) com a sequência de ácido nucléico de acordo com a invenção, por exemplo um promotor, ou

(c) a) e b)

não são localizadas no seu ambiente genético natural ou foram modificadas pelos métodos recombinantes, sendo possível para a modificação tomar a forma, por exemplo, de uma substituição, adição, deleção, inversão ou inserção de um ou mais resíduos de nucleotídeo. O ambiente genético natural é entendido como significando o local genômico ou cromossômico

natural na planta original ou a presença em uma biblioteca genômica. No caso de uma biblioteca genômica, o ambiente genético natural da sequência de ácido nucléico é preferivelmente retido, pelo menos em parte. O ambiente flanqueia a sequência de ácido nucléico pelo menos em um lado e tem um comprimento da SEQuência de pelo menos 50 pares de base, preferivelmente pelo menos 500 pares de base, de modo especialmente preferível pelo menos 1000 pares de base, o mais preferivelmente pelo menos 5000 pares de base. Um cassete de expressão que ocorre naturalmente - por exemplo a combinação que ocorre naturalmente do promotor natural das sequências de ácido nucléico com a sequência de ácido nucléico correspondente que codifica um polipeptídeo útil nos métodos da presente invenção, como definidos acima - torna-se um cassete de expressão transgênico quando este cassete de expressão é modificado pelos métodos não naturais, sintéticos ("artificiais") tais como, por exemplo, tratamento mutagênico. Os métodos adequados são descritos, por exemplo, na US 5.565.350 ou WO 00/15815.

Uma planta transgênica para os propósitos da invenção é assim entendido como significando, como acima, que os ácidos nucléicos usados no método da invenção não estão no seu local natural no genoma da dita planta, sendo possível para as sequências de ácido nucléico serem homóloga ou heterologamente expressadas. Entretanto, como mencionado, transgênicos também significam que, embora os ácidos nucléicos de acordo com a invenção ou usados no método da invenção estejam na sua posição natural no genoma de um planta, a sequência foi modificada com respeito à sequência natural e/ou que as sequências reguladoras das sequências naturais foram modificadas. Transgênicos é preferivelmente entendido como significando a expressão dos ácidos nucléicos de acordo com a invenção em um local não natural no genoma, isto é a expressão homóloga ou, preferivelmente, heteróloga das sequências de ácido nucléico ocorre. As planta transgênicas preferidas são aqui mencionadas.

Transformação

Os termos "introdução" ou "transformação" como aqui aludidos abrangem a transferência de um polinucleotídeo exógeno em uma célula hospedeira, independente do método usado para a transferência. O tecido vegetal capaz de propagação clonal subsequente, seja pela organogênese ou embriogênese, pode ser transformado com uma construção genética da presente invenção e uma planta inteira regenerada desta. O tecido particular escolhido variará dependendo dos sistemas de propagação clonal disponíveis e melhor adaptados para a espécie que é transformada. Os tecidos alvos exemplares incluem discos de folha, pólen, embriões, cotilédones, hipocotilos, megagametófitos, tecido de calo, tecido meristemático existente (por exemplo, meristema apical, brotos axilares e meristemas de raiz) e tecido de meristema induzido (por exemplo, meristema de cotilédone e meristema de hipocotilo). O polinucleotídeo pode ser transitória ou estavelmente introduzido em uma célula hospedeira e pode ser mantido não integrado, por exemplo, como um plasmídeo. Alternativamente, este pode ser integrado no genoma hospedeiro. A célula vegetal transformada resultante pode ser depois usada para regenerar uma planta transformada em uma maneira conhecida pelas pessoas habilitadas na técnica.

A transferência de genes estranhos no genoma de uma planta é chamada de transformação. A transformação de espécie de planta é agora uma técnica regularmente de rotina. Vantajosamente, qualquer um de vários métodos de transformação pode ser usado para introduzir o gene de interesse em uma célula ancestral adequada. Os métodos descritos para a transformação e regeneração de plantas a partir de tecidos vegetais ou células vegetais podem ser utilizados para a transformação transitória ou estável. Os métodos de transformação incluem o uso de lipossomas, eletroporação, produtos químicos que aumentam a captação de DNA livre, injeção do DNA diretamente na planta, bombardeamento de pistola de partícula, transformação

usando vírus ou pólen e microprojeção. Os métodos podem ser selecionados do método do cálcio/polietileno glicol para protoplastos (Krens, F. A. *et al.*, (1982) Nature 296, 72-74; Negrutiu I *et al.* (1987) Plant Mol Biol 8: 363-373); eletroporação de protoplastos (Shillito R. D. *et al.* (1985) Bio/Technol 3, 1099-1102); microinjeção em material vegetal (Crossway A *et al.*, (1986) Mol. Gen Genet 202: 179-185); bombardeamento de partícula revestida com DNA ou RNA (Klein T M *et al.*, (1987) Nature 327: 70) infecção com vírus (não integrativo) e outros. Plantas transgênicas, incluindo plantas de safra transgênicas, são preferivelmente produzidas por intermédio da transformação mediada pela Agrobactéria. Um método de transformação vantajoso é a transformação em planta. Para esta finalidade, é possível, por exemplo, permitir que as agrobactérias atuem nas sementes da planta ou inocular o meristema da planta com agrobactérias. Isto tem se mostrado particularmente útil de acordo com a invenção para permitir que uma suspensão de agrobactérias transformadas atuem na planta intacta ou pelo menos na flor primordial. A planta é subsequentemente cultivada até que as sementes da planta tratado sejam obtidas (Clough e Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Os métodos para a transformação mediada pela Agrobactéria de arroz incluem métodos bem conhecidos para a transformação de arroz, tal como aqueles descritos em qualquer um dos seguintes: Pedido de patente europeu EP 1198985 A1, Aldemita e Hodges (Plant 199: 612-617, 1996); Chan *et al.* (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei *et al.* (Plant J 6 (2): 271-282, 1994), divulgações estas que são aqui incorporadas por referência como se totalmente apresentadas. No caso de transformação de milho, o método preferido é como descrito em Ishida *et al.* (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) ou Frame *et al.* (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), divulgações estas que são aqui incorporadas por referência como se totalmente apresentadas. Os ditos métodos são descrito ainda por via de exemplo em B. Jenes *et al.*, Techniques for Gene Transfer, em: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering

and Utilization, eds. S. D. Kung e R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 e m Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). As sequências de ácido nucléico ou a construção a ser expressada é preferivelmente clonada em um vetor, que é adequado para transformar *Agrobacterium tumefaciens*, por exemplo pBin19 (Bevan *et al.*, Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). As agrobactérias transformadas por um tal vetor podem ser depois usadas na maneira conhecida para a transformação de plantas, tais como plantas usadas como um modelo, como *Arabidopsis* (a *Arabidopsis thaliana* está dentro do escopo da presente invenção não considerada como uma planta de safra) ou plantas de safra tais como, por via de exemplo, plantas de tabaco, por exemplo pela imersão das folhas machucadas ou folhas picadas em uma solução agrobacteriana e depois cultivá-las em meios adequados. A transformação de plantas por meio da *Agrobacterium tumefaciens* é descrita, por exemplo, por Höfgen e Willmitzer em Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 ou é conhecida *inter alia* de F. F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; em Transgenic Plant, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S. D. Kung e R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15-38.

Além da transformação de células somáticas, que depois foram regeneradas em plantas intactas, também é possível transformar as células de meristemas de planta e em particular aquelas células que se desenvolvem em gametas. Neste caso, os gametas transformados seguem o desenvolvimento da planta natural, dando origem às plantas transgênicas. Assim, por exemplo, sementes de *Arabidopsis* são tratadas com agrobactérias e as sementes são obtidas a partir das plantas em desenvolvimento das quais uma certa proporção é transformada e assim transgênica [Feldman, K A e Marks M D (1987). Mol Gen Genet 208: 274-289; Feldmann K (1992). Em: C Koncz, N-H Chua e J Shell, eds, Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapura, pp. 274-289]. Métodos alternativos são fundamentados na remoção repetida das inflorescências e incubação do sitio de excisão no

centro da roseta com agrobactérias transformadas, por meio dos quais as sementes transformadas do mesmo modo podem ser obtidas em um ponto posterior no tempo (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Entretanto, um método especialmente eficaz é o método da infiltração a vácuo com as suas modificações tais como o método da "imersão floral". No caso de infiltração a vácuo de Arabidopsis, plantas intactas sob pressão reduzida são tratadas com uma suspensão agrobacteriana [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199], enquanto que no caso do método de "imersão floral" o tecido floral em desenvolvimento é ligeiramente incubado com uma suspensão agrobacteriana tratada com tensoativo [Clough, S J e Bent A F (1998) The Plant J. 16, 735-743]. Uma certa proporção de sementes transgênicas são colhidas em ambos os casos e estas sementes podem ser distinguidas das sementes não transgênicas pelo cultivo sob as condições seletivas descritas acima. Além disso, a transformação estável de plastídeos é vantajosa porque os plastídeos são herdados maternalmente e a maioria das safras reduzem ou eliminam o risco de fluxo de transgene através do pólen. A transformação do genoma de cloroplasto é no geral obtido por um processo que foi esquematicamente demonstrado em Klaus *et al*., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. Em resumo as sequências a serem transformadas são clonadas junto com um gene marcador selecionável entre sequências flanqueadoras homólogas ao genoma de cloroplasto. Estas sequências flanqueadoras homólogas direcionam a integração específica de sítio no plastoma. A transformação plastídica foi descrita para muitas espécies de planta diferentes e uma vista geral é dada em Bock (2001) Transgenics plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 21 de setembro de 2001; 312 (3): 425-38 ou Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28. Outros progressos biotecnológicos foram recentemente relatados na forma de transformantes

plastídicos isentos de marcador, que podem ser produzidos por um gene marcador co-integrado transitório (Klaus *et al*., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229).

Rotulação de ativação de T-DNA

A rotulação de ativação de T-DNA (Hayashi *et al*. Science (1992) 1350-1353), envolve a inserção de T-DNA, usualmente contendo um promotor (também pode ser um realçador de tradução ou um intron), na região genômica do gene de interesse ou 10 kb a montante ou a jusante da região codificadora de um gene em uma configuração tal que o promotor direcione a expressão do gene alvejado. Tipicamente, a regulagem da expressão do gene alvejado pelo seu promotor natural é rompida e o gene falha sob o controle do promotor recém introduzido. O promotor é tipicamente embutido em um T-DNA. Este T-DNA é aleatoriamente inserido no genoma vegetal, por exemplo, através da infecção pela Agrobactéria e leva à expressão modificada de genes próximos ao T-DNA inserido. As plantas transgênicas resultantes mostram fenótipos dominantes devido à expressão modificada de genes próximos ao promotor introduzido.

TILLING

O termo "TILLING" é uma abreviação de "Lesões Locais Induzidas Alvejadas em Genomas" e refere-se a uma tecnologia de mutagênese útil para gerar e/ou identificar ácidos nucléicos que codificam proteínas com expressão e/ou atividade modificadas. TILLING também possibilita a seleção de plantas que carregam tais variantes mutantes. Estas variantes mutantes podem exibir a expressão modificada, em força ou na localização ou no tempo (se as mutações afetam o promotor por exemplo). Estas variantes mutantes podem exibir atividade mais alta do que aquela exibida pelo gene na sua forma natural. TILLING combina mutagênese de alta densidade com métodos de triagem de alto rendimento. As etapas tipicamente seguidas em TILLING são: (a) mutagênese EMS (Redei G P e

Koncz C (1992) Em Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua N H, Schell J, eds. Singapura, World Scientific Publishing Co, pp. 16-82; Feldmann *et al.*, (1994) Em Meyerowitz E M, Somerville C R, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137-172; Lightner J e Caspar T (1998) Em J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, Methods on Molecular Biology, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, pp 91-104); (b) preparação e reunião de DNA de indivíduos; (c) amplificação pela PCR de uma região de interesse; (d) desnaturação e recozimento para possibilitar a formação de heteroduplexes; (e) DHPLC, onde a presença de um heteroduplex em uma reunião é detectada como um pico extra no cromatograma; (f) identificação do indivíduo mutante; e (g) sequenciamento do produto de PCR mutante. Os métodos para TILLING são bem conhecidos na técnica (McCallum *et al.*, (2000) Nat Biotechnol 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) Nat Rev Genet 5(2): 145-50).

Recombinação Homóloga

A recombinação homóloga permite a introdução em um genoma de um ácido nucléico selecionado em uma posição selecionada definida. A recombinação homóloga é uma tecnologia padrão usada rotineiramente nas ciências biológicas para organismos inferiores tais como levedura ou o musgo *Physcomitrella*. Os métodos para a realização da recombinação homóloga em plantas forram descritos não apenas para as plantas modelo (Offringa *et al.* (1990) EMBO J 9(10): 3077-84) mas também para as plantas de safra, por exemplo arroz (Terada *et al.* (2002) Nat Biotech 20(10): 1030-4; Iida e Terada (2004) Curr Opin Biotech 15(2): 132-8) e métodos existem que são no geral aplicáveis independente do organismo alvo (Miller *et al*, Nature Biotechnol. 25, 778-785, 2007).

Rendimento

O termo "rendimento" no geral significa um resultado mensurável de valor econômico, tipicamente relacionado a uma safra, a uma

área e a um período de tempo específicos. As partes de planta individuais diretamente contribuem para o rendimento com base no seu número, tamanho e/ou peso ou o rendimento real é o rendimento por metro quadrado para uma safra e ano, que é determinada dividindo-se a produção total (inclui a produção tanto colhida quanto estimada) por metros quadrados plantados. O termo "rendimento" de uma planta pode estar relacionado à biomassa vegetativa (biomassa de raiz e/ou broto), aos órgãos reprodutivos e/ou aos propágulos (tais como sementes) desta planta.

Vigor inicial

"Vigor inicial" refere-se ao crescimento bem equilibrado saudável ativo especialmente durante os estágios iniciais de crescimento da planta e pode resultar da aptidão da planta aumentada devido, por exemplo, às plantas sendo melhor adaptadas para o seu ambiente (isto é otimizando o uso dos recursos de energia e particionando entre broto e raiz). As plantas tendo vigor inicial também mostram sobrevivência de muda aumentada e um melhor estabelecimento da safra, que frequentemente resulta em campos altamente uniformes (com a safra crescendo em uma maneira uniforme, isto é com a maioria das plantas atingindo os vários estágios de desenvolvimento substancialmente ao mesmo tempo) e frequentemente rendimento melhor e mais alto. Portanto, o vigor inicial pode ser determinado medindo-se vários fatores, tais como peso de mil grãos, germinação percentual, emergência percentual, crescimento de muda, altura da muda, comprimento de raiz, biomassa de raiz e broto e muitos mais.

Aumento/Melhora/Realce

Os termos "aumento", "melhora" ou "realce" são intercambiáveis e devem significar no sentido da aplicação de pelo menos um rendimento e/ou crescimento de 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % ou 10 %, preferivelmente pelo menos 15 % ou 20 %, mais preferivelmente 25 %, 30 %, 35 % ou 40 % maior em comparação com as plantas de controle como aqui

definido.

Rendimento de semente

O rendimento de semente aumentado pode manifestar-se por si mesmo como um ou mais dos seguintes: a) um aumento na biomassa de semente (peso de semente total) que pode estar em uma base de semente individual e/ou por planta e/ou por hectare ou are; b) número aumentado de flores por panículo; c) número aumentado de sementes (cheias); d) taxa de enchimento de semente aumentada (que é expressada como a razão entre o número de sementes cheias dividido pelo número total de sementes); e) índice de colheita aumentado, que é expressado como uma razão do rendimento das partes colhíveis, tais como sementes, dividida pela biomassa total; e f) número aumentado de paníeulos primários g) peso de mil sementes aumentado (TKW), que é extrapolado do número de sementes cheias contadas e seu peso total. Um TKW aumentado pode resultar de um tamanho de semente e/ou peso de semente aumentados e também pode resultar de um aumento no tamanho do embrião e/ou endosperma.

Um aumento no rendimento de semente também pode ser manifestado como um aumento no tamanho de semente e/ou volume de semente. Além disso, um aumento no rendimento de semente também pode manifestar por si só como um aumento na área de semente e/ou comprimento de semente e/ou largura de semente e/ou perímetro de semente. O rendimento aumentado também pode resultar em arquitetura modificada ou pode ocorrer por causa da arquitetura modificada.

Índice de Verdor

O "índice de verdor" como aqui usado é calculado a partir de imagens digitais de plantas. Para cada pixel pertencente à planta objeto na imagem, a razão do valor verde versus o valor vermelho (no modelo RGB para a cor codificadora) é calculado. O índice de verdor é expressado como a porcentagem de pixéis para a qual a razão de verde para vermelho excede um

limiar dado. Sob condições de crescimento normal, sob condições de crescimento em estresse salino e sob condições de crescimento na disponibilidade de nutriente reduzida, o índice de verdor de plantas é medido na última formação de imagem antes do florescimento. Ao contrário, sob condições de crescimento em estresse pela seca, o índice de verdor de plantas é medido na primeira formação de imagem depois da seca.

PLANTA

O termo "planta" como aqui usado abrange plantas inteiras, ancestrais e progênie das plantas e partes de planta, incluindo sementes, brotos, hastes, folhas, raízes (incluindo tubérculos), flores e tecidos e órgãos, em que cada um dos anteriormente mencionados compreendem o gene/sequência de ácido nucléico de interesse. O termo "planta" também abrange células vegetais, culturas em suspensão, tecido de calo, embriões, regiões meristemáticas, gametófitos, esporófitos, pólen e microesporos, mais uma vez em que cada um dos anteriormente mencionados compreendem o gene/sequência de ácido nucléico de interesse.

As plantas que são particularmente úteis nos métodos da invenção incluem todas as plantas que pertencem à superfamília *Viridiplantae*, em particular plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas incluindo forragem ou legumes forrageiros, plantas ornamentais, safras alimentícias, árvores ou arbustos selecionados da lista que compreende *Acer spp., Actinidia spp., Abelmoschus spp., Agave sisalana, Agropyron spp., Agrostis stolonifera, Allium spp., Amaranthus spp., Ammophila arenaria, Ananas comosus, Annona spp., Apium graveolens, Arachis spp, Artocarpus spp., Asparagus officinalis, Avena spp.* (por exemplo, *Avena sativa, Avena fatua, Avena byzantina, Avena fatua* var. *sativa, Avena hybrida*), *Averrhoa carambola, Bambusa sp., Benincasa hispida, Bertholletia excelsea, Beta vulgaris, Brassica spp.* (por exemplo, *Brassica napus, Brassica rapa ssp.* [canola, colza, nabo]), *Cadaba farinosa, Camellia sinensis, Canna indica,*

Cannabis sativa, Capsicum spp., Carex elate, Carica papaya, Carissa macrocarpa, Carya spp., Carthamus tinctorius, Castanea spp., Ceiba pentandra, Cichorium endivia, Cinnamomum spp., Citrullus lanatus, Citrus spp., Cocos spp., Coffea spp., Colocasia esculenta, Cola spp., Corchorus sp., Coriandrum sativum, Corylus spp., Crataegus spp., Crocus sativus, Cucurbita spp., Cucumis spp., Cynara spp., Daucus carota, Desmodium spp., Dimocarpus longan, Dioscorea spp., Diospyros spp., Echinochloa spp., Elaeis (por exemplo, *Elaeis guineensis, Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana, Erianthus sp., Eriobotrya japonica, Eucalyptus sp., Eugenia uniflora, Fagopyrum spp., Fagus spp., Festuca arundinacea, Ficus carica, Fortunella spp., Fragaria spp., Ginkgo biloba, Glycine spp.* (por exemplo, *Glycine max, Soja hispida* ou *Soja max*), *Gossypium hirsutum, Helianthus spp.* (por exemplo, *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva, Hibiscus spp., Hordeum spp.* (por exemplo, *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas, Juglans spp., Lactuca sativa, Lathyrus spp., Lens culinaris, Linum usitatissimum, Litchi chinensis, Lotus spp., Luffa acutangula, Lupinus spp., Luzula sylvatica, Lycopersicon spp.* (por exemplo, *Lycopersicon esculenturn, Lycopersicon lycopersicum, Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma spp., Malus spp., Malpighia emarginata, Mammea americana, Mangifera indica, Manihot spp., Manilkara zapota, Medicago sativa, Melilotus spp., Mentha spp., Miscanthus sinensis, Momordica spp., Morus nigra, Musa spp., Nicotiana spp., Olea spp., Opuntia spp., Ornithopus spp., Oryza spp.* (por exemplo, *Oryza sativa, Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum, Panicum virgatum, Passiflora edulis, Pastinaca sativa, Pennisetum sp., Persea spp., Petroselinum crispum, Phalaris arundinacea, Phaseolus spp., Phleum pratense, Phoenix spp., Phragmites australis, Physalis spp., Pinus spp., Pistacia vera, Pisum spp., Poa spp., Populus spp., Prosopis spp., Prunus spp., Psidium spp., Punica granatum, Pyrus communis, Quercus spp., Raphanus sativus, Rheum rhabarbarum, Ribes spp., Ricinus communis, Rubus spp., Saccharum spp.,*

Salix sp., Sambucus spp., Secale cereale, Sesamum spp., Sinapis sp., Solanum spp. (por exemplo, *Solanum tuberosum, Solanum integrifolium* ou *Solanum lycopersicum*), *Sorgo bicolor, Spinacia spp., Syzygium spp., Tagetes spp., Tamarindus indica, Theobroma cacao, Trifolium spp., Triticale sp., Triticosecale rimpaui, Triticum spp.* (por exemplo, *Triticum aestivum, Triticum durum, Triticum turgidum, Triticum hybernum, Triticum macha, Triticum sativum* ou *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus, Tropaeolum majus, Vaccinium spp., Vicia spp., Vigna spp., Viola odorata, Vitis spp., Zea mays, Zizania palustris, Ziziphus spp.*, entre outros.

Descrição detalhada da invenção

Surpreendentemente, foi agora descoberto que a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF.

Um método preferido para aumentar a expressão de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF é pela introdução e expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é considerada significar em uma forma de realização um polipeptídeo GRF como aqui definido. Qualquer referência daqui por diante a uma "sequência de ácido nucléico útil nos métodos da invenção" é considerada significar uma sequência de ácido nucléico capaz de codificar um tal polipeptídeo GRF. A sequência de ácido nucléico a ser introduzida em

uma planta (e portanto útil na realização dos métodos da invenção) é qualquer sequência de ácido nucléico que codifica o tipo de polipeptídeo, que agora será descrito, daqui por diante também chamado de "sequência de ácido nucléico GRF" ou "gene GRF".

Um "polipeptídeo GRF" como aqui definido refere-se a qualquer polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116.

Alternativa ou adicionalmente, um "polipeptídeo GRF" como aqui definido refere-se a qualquer polipeptídeo que compreende: (i) um domínio QLQ com um acesso InterPro IPR014978 (acesso PFAM PF08880); (ii) um domínio WRC com um acesso InterPro IPR014977 (acesso PFAM PF08879); e (iii) um domínio Efetor de Transcrição (ET) que compreende resíduos três Cys e um His em um espaçamento conservado (CX9CX10CX2H).

Alternativa ou adicionalmente, um "polipeptídeo GRF" como aqui definido refere-se a qualquer polipeptídeo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido para o polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 ou a qualquer uma das sequências de polipeptídeo de tamanho natural dadas na Tabela A aqui contida.

Alternativa ou adicionalmente, um "polipeptídeo GRF" interage com polipeptídeos do fator que interage com GRF (GIF) (também chamado de polipeptídeos de translocação de sarcoma sinovial (SYT)) em um

ensaio de interação de híbrido duplo de levedura.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1.

Um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 é pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é considerada significar em uma forma de realização um polipeptídeo equivalente a RAA1 como aqui definido. Qualquer referência daqui por diante a um "ácido nucléico útil nos métodos da invenção" é considerada significar um ácido nucléico capaz de codificar um tal polipeptídeo equivalente a RAA1. O ácido nucléico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil na realização dos métodos da invenção) é qualquer ácido nucléico que codifica o tipo de proteína que agora será descrito, daqui por diante também chamado de "ácido nucléico equivalente a RAA1" ou "gene equivalente a RAA1".

Um "polipeptídeo equivalente a RAA1" como aqui definido refere-se a qualquer polipeptídeo representado pela SEQ ID NO: 121 e aos seus ortólogos e parálogos. As proteínas equivalentes a RAA1 são polipeptídeos pequenos (PM entre 10 e 21 kDA) e básicos (pI acima de 8,5), e usualmente têm zero ou um resíduo de Cys na sequência que alinha com a SEQ ID NO: 121 quando do uso de um programa de alinhamento de

Needleman-Wunsch padrão com ajustes de default.

Preferivelmente, o polipeptídeo equivalente a RAA1 compreende dois ou mais dos seguintes motivos da SEQuência conservada:

SEQ ID NO: 162, motivo 1: GVW(V/L)F

SEQ ID NO: 163, motivo 2: LGW(E/S)RY(Y/F)

SEQ ID NO: 164, motivo 3: (D/H)L(L/I)S(IN/L)P(R/K/Um)(S/D)F

SEQ ID NO: 165, motivo 4: (H/Y)(F/M)YD(V/I)VVK(N/T)(R/P)

Alternativamente, o homólogo de uma proteína RAA1 tem em ordem crescente de preferência pelo menos 30 %, 31 %, 32 %, 33 %, 34 %, 35 %, 36 %, 37 %, 38 %, 39 %, 40 %, 41 %, 42 %, 43 %, 44 %, 45 %, 46 %, 47 %, 48 %, 49 %, 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 81 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % ou 99 % de identidade da SEQuência global para o aminoácido representado pela SEQ ID NO: 121, contanto que a proteína homóloga compreenda os motivos conservados 1 (a, b, c ou d), 2 e 3, e o domínio rico em leucina como esboçado acima. A identidade da SEQuência global é determinada usando um algoritmo de alinhamento global, tal como o algoritmo de Needleman Wunsch no programa GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), preferivelmente com parâmetros de default.

Preferivelmente, a sequência de polipeptídeo que quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 8 (Ge *et al.*, 2004), agrupa-se com o grupo de polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreendem a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR dá plantas, quando cultivadas sob condições de estresse abiótico, tendo

características relacionadas com o rendimento realçadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas cultivadas sob condições de estresse abiótico, em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR.

Um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR é pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é considerada significar em uma forma de realização um polipeptídeo SYR como aqui definido. Qualquer referência daqui por diante a um "ácido nucléico útil nos métodos da invenção" é considerada significar um ácido nucléico capaz de codificar um tal polipeptídeo SYR. O ácido nucléico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil na realização dos métodos da invenção) é qualquer ácido nucléico que codifica o tipo de proteína que agora será descrito, daqui por diante também chamado de "ácido nucléico SYR" ou "gene SYR".

o termo "proteína SYR ou homólogo desta" como aqui definido refere-se a um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende (i) um domínio rico em leucina que se parece com um zíper de leucina na metade do terminal C da proteína, domínio rico em leucina este que é (ii) precedido por um tripeptídeo com a sequência YFS (motivo conservado 5a, SEQ ID NO: 173), ou YFT (motivo conservado 5b, SEQ ID NO: 174), ou YFG (motivo conservado 5c, SEQ ID NO: 175) ou YLG (motivo conservado 5d, SEQ ID NO: 176), e (iii) seguido por um motivo conservado 6 ((V/A/I) LAFMP (T/S) , SEQ ID NO: 177). Preferivelmente, o motivo conservado 6 é (A/V) LAFMP (T/S), mais

preferivelmente, o motivo conservado é VLAFMPT. A "proteína SYR ou homólogo desta" preferivelmente também tem um peptídeo de terminal C conservado terminando com o motivo conservado 7 (SYL ou PYL, SEQ ID NO: 178). O domínio rico em leucina da proteína SYR ou seu homólogo é de cerca de 38 a 48 aminoácidos de comprimento, começando imediatamente por detrás do motivo conservado 5 e acabando imediatamente antes do motivo conservado 6, e compreende pelo menos 30 % de leucina. O domínio rico em Leu preferivelmente tem um motivo que se parece com o motivo de Zíper de Leucina (L-X_6-L-X_6-L-X_6-L, em que X6 é uma sequência de 6 aminoácidos consecutivos). Um exemplo preferido de uma proteína SYR é representado pela SEQ ID NO: 169, um visão geral dos seus domínios é dada na Figura 11.

Mais preferivelmente, as proteínas SYR têm dois domínios de transmembrana, com a parte de terminal N e a parte de terminal C da proteína localizadas dentro e a parte entre os domínios de transmembrana localizadas fora.

Alternativamente, o homólogo de uma proteína SYR tem em ordem crescente de preferência pelo menos 27 %, 28 %, 29 %, 30 %, 31 %, 32 %, 33 %, 34 %, 35 %, 36 %, 37 %, 38 %, 39 %, 40 %, 41 %, 42 %, 43 %, 44 %, 45 %, 46 %, 47 %, 48 %, 49 %, 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 81 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, ou 99 % de identidade da SEQuência global para o aminoácido representado pela SEQ ID NO: 169, contanto que a proteína homóloga compreenda os motivos conservados 5(a, b, c ou d), 6 e 7, e o domínio rico em leucina como esboçado acima. A identidade da SEQuência global é determinada usando um algoritmo de alinhamento global, tal como o algoritmo de Needleman Wunsch no programa GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), preferivelmente com

parâmetros de default. Comparada com a identidade da SEQuência global, a identidade da SEQuência no geral será mais alta quando apenas domínios conservados ou motivos são considerados.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL.

Um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL é pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é considerada significar um polipeptídeo ARKL como aqui definido. Qualquer referência daqui por diante a um "ácido nucléico útil nos métodos da invenção" é considerada significar um ácido nucléico capaz de codificar um tal polipeptídeo ARKL. O ácido nucléico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil na realização dos métodos da invenção) é qualquer ácido nucléico que codifique o tipo de proteína que agora será descrito, daqui por diante também chamado de "ácido nucléico ARKL" ou "gene ARKL".

Um "polipeptídeo ARKL" como aqui definido refere-se a qualquer polipeptídeo que compreende um domínio conservado do dedo de zinco do tipo RING e opcionalmente um domínio DAR1. O dedo de zinco do tipo RING encontrado no polipeptídeo ARKL compreende um tipo de domínio de dedo de zinco C3H2C3 canônico. O mesmo pode ser ainda

classificado no tipo RING-H2 dentro do grupo I como definido por Stone *et al.* 2005.

Uma sequencia de consenso que representa o domínio RING-H2 foi relatado como representado por CX(2)CX(9-39)CX(1-3)HX(2-3)HX(2)CX(4-48)CX(2)C (SEQ ID NO: 400). O comprimento da alça variável nos polipeptídeos ARKL é tipicamente de 14 a 15 aminoácidos entre os ligandos metálicos 2 e 3 e de 10 aminoácidos entre os ligandos metálicos 6 e 7 (Fig; 1). Resíduos de aminoácido específicos outros que não aqueles implicados na coordenação direta de íons Zn^{2+} são altamente conservados no domínio RING-H2 dos polipeptídeos ARKL (Fig. 1). A SEQ ID NO: 401 representa uma sequência de consenso conservada entre a maioria dos polipeptídeos ARKL.

Um polipeptídeo ARKL preferido útil nos métodos da invenção refere-se a um polipeptídeo que compreende um domínio RING de dedo de zinco ZfC3H2C3, tal domínio sendo representado pela SEQ ID NO: 400 ou um polipeptídeo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade da SEQuência a um ou mais dos domínios ZfC3H2C3 como representados da SEQ ID NO: 306 até a SEQ ID NO: 351. Mais preferivelmente o polipeptídeo ARKL da invenção compreende um domínio ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 401.

Os polipeptídeos ARKL tipicamente compreendem um domínio adicional, chamado de DAR1 (Domínio Associado com RING), que foi previamente descrito ocorrer fora do domínio RING em umas poucas proteínas RING de origem vegetal (Stone *et al.* 2005). O domínio DAR1 é tipicamente encontrado no terminal N do domínio RING. Tipicamente os domínios DAR1 compreendem uma assinatura de aminoácido conservada como representada pela SEQ ID NO: 399 (Motivo 8).

Um outro polipeptídeo ARKL preferido útil nos métodos da

invenção refere-se a um polipeptídeo que compreende um domínio DAR1 tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade da SEQuência a um ou mais dos domínios DAR1 como representados da SEQ ID NO: 352 até a SEQ ID NO: 398. Ainda mais preferivelmente o polipeptídeo ARKL da invenção compreende o Motivo 8 como representado pela SEQ ID NO: 399.

Os domínios do tipo RING de dedo de zinco e DAR1 podem ser encontrados em bases de dados de proteína especializada em famílias de proteína, domínios e sítios funcionais tais como Pfam (Finn *et al*. Nucleic Acids Research (2006) Database Issue 34: D247-D251) ou InterPro que integra a assinatura de bases de dados de proteína: PROSITE, PRINTS, ProDom, Pfam, SMART, TIGRFAMs, PIRSF, SUPERFAMILY, Gene3D e PANTHER (Mulder *et al*, 2007 Nucleic Acids Research, 2007, Vol. 35, Database issue D224-D228). Pfam compila uma coleção grande de alinhamentos da SEQuência múltipla e oculta modelos de Markov (HMM) que abrangem muitos domínios e famílias de proteínas comuns e é disponível através do Sanger Institute no Reino Unido. Emparelhamentos confiáveis como considerado na base de dados Pfam são aquelas sequências com contagens mais altas do que o limiar de corte deduzido. O o limiar de corte deduzido do domínio RING-H2 (Número de acesso Pfam: PF00097) no método Pfam HMM_fs é 16,0 e no método Pfam HMM_ls é 15,2. Entretanto emparelhamentos potenciais, que compreendem domínios do domínio RING-H2 verdadeiro, podem cair ainda sob o corte deduzido. Preferivelmente um polipeptídeo ARKL útil nos métodos da invenção é uma proteína tendo um ou mais domínios na sua sequência que excede o corte deduzido da família de domínio da proteína Pfam PF000097, também conhecios como domínio da família Dedo de Zinco, tipo C3HC4 (dedo RING).

Alternativamente, os domínios de dedo de zinco tipo RING e DAR1 em um polipeptídeo podem ser identificados realizando-se uma

comparação da SEQuência com polipeptídeos conhecidos que compreendem um dos domínios de Dedo de zinco tipo RING e/ou DAR1 e estabelecendo-se a similaridade na região dos ditos domínios. As sequências podem ser alinhadas usando qualquer um dos métodos bem conhecidos na técnica tais como algoritmos Blast. A probabilidade para que o alinhamento ocorra com uma dada sequência é tomada como base para identificar polipeptídeos similares. Um parâmetro que é tipicamente usado para representar tal probabilidade é chamado de valor e. O valor E é uma medida da credibilidade da contagem S. A contagem S é uma medida da similaridade da dúvida para a sequência mostrada. O valor e descreve quão frequente uma dada contagem S é esperada ocorrer aleatoriamente. O corte do valor e pode ser tão alto quanto 1,0. O limiar típico para um valor confiável e de um saída de pesquisa BLAST usando um polipeptídeo ARKL como sequência dúvida é mais baixo do que e-5(=10-5), 1.e-10, 1.e-15, 1.e20, 1.e-25, 1.e-50, 1.e-75, 1.e-100, 1.e-200, 1.e-300, 1.e-400, 1.e-500, 1.e-600, 1.e-700 e 1.e-800. Preferivelmente os polipeptídeos ARKL úteis nos métodos da invenção compreendem uma sequência tendo em ordem crescente de preferência um valor e mais baixo do que e-5(=10-5), 1.e-10, 1.e-15, 1.e-20, 1.e-25, 1.e-50, 1.e-75, 1.e-100, 1.e-200, 1.e-300, 1.e-400, 1.e-500, 1.e-600, 1.e-700 e 1.e-800 em um alinhamento com um dos domínios de Dedo de zinco tipo RING e/ou DAR1 como encontrado em um polipeptídeo ARKL conhecido, tal como por exemplo SEQ ID NO: 213.

Os exemplos dos polipeptídeos ARKL úteis nos métodos da invenção são dados na Tabela A. Uma sequência que compreende os domínios RING-H2 e DAR1 como apresentados nos polipeptídeos ARKL representativos da Tabela A é dada da SEQ ID NO: 306 até a SEQ ID NO: 351 e da SEQ ID NO: 352 até a SEQ ID NO: 398, respectivamente. As coordenadas de aminoácido da posição dos domínios RING-H2 e DAR1 como presentes em uma seleção dos polipeptídeos ARKL da Tabela A são

dadas no Exemplo 4.

Outros polipeptídeos ARKL preferidos úteis nos métodos da invenção são aqueles tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 98 % ou mais de identidade da SEQuência a qualquer um dos polipeptídeos dados na Tabela A.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP.

Um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) a expressão de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP é pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é considerada significar em uma forma de realização um polipeptídeo YTP como aqui definido. Qualquer referência daqui por diante a um "ácido nucléico útil nos métodos da invenção" é considerada significar um ácido nucléico capaz de codificar um tal polipeptídeo YTP. O ácido nucléico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil na realização dos métodos da invenção) é qualquer ácido nucléico que codifique o tipo de proteína que agora será descrita, daqui por diante também chamado de "ácido nucléico YTP" ou "gene YTP".

Um "polipeptídeo YTP" como aqui definido refere-se a um polipeptídeo que compreende pelo menos um domínio de transmembrana e

uma porção de pelo menos 50 aminoácidos contíguos de um domínio DUF221. Adicionalmente o polipeptídeo YTP pode compreender o Motivo 9 como representado pela SEQ ID NO: 546.

As proteínas de transmembrana têm uma estrutura anfifílica com segmentos hidrofóbicos que cruzam as membranas e alças hidrofílicas que podem estar localizadas no lado da membrana (ver a Figura 20). As alças são os segmentos (regiões) de uma proteína localizada entre dois domínios TM. As alças de tamanho médio localizadas no lado de dentro da membrana são tipicamente mais negativamente carregados do que aquelas no lado de fora da membrana.

Um domínio de transmembrana forma uma estrutura secundária (usualmente uma hélice alfa ou beta) tipicamente de 12 a 35 resíduos de aminoácido. As alças entre os domínios de transmembrana são tipicamente mais curtos do que 60 resíduos de aminoácido, embora regiões de comprimento globular também possam ocorrer. O número de domínios de transmembrana em um polipeptídeo YTP é variável, mas tipicamente entre 2 e 20.

O domínio de transmembrana encontrado nos polipeptídeos YTP está preferivelmente entre 8 e 50 aminoácidos, mais preferivelmente 8, 12, 14, 16, 18, 2, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 35, ou 36 aminoácidos. Uma alça encontrada bos polipeptídeos YTP tem preferivelmente acima de 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 100 resíduos de aminoácido.

Um polipeptídeo YTP preferido útil nos métodos da invenção compreende em ordem crescente de preferência mais do que 1, 2, 4, 5, 6, 8, 10, 12 domínios de transmembrana.

Os domínios de transmembrana são proteínas altamente hidrofóbicas ricas em aminoácidos não polares. A Tabela 3 mostra uma classificação dos aminoácidos de acordo com as propriedades de cadeia lateral.

Os aminoácidos hidrofóbicos são indicados. O caráter hidrofóbico de um peptídeo pode ser determinado pelos métodos bem conhecidos na técnica, como por exemplo relatado por Kyte e Doolittle (1982) J. Mol. Biol., 157: 105-132.

Os polipeptídeos YTP úteis nos métodos da invenção preferivelmente compreendem domínios de transmembrana tendo pelo menos 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, ou mais aminoácidos não polares. A Tabela 3 dá a polaridade dos 20 aminoácidos essenciais.

Tabela 3: Classificação de aminoácidos de acordo com as propriedades de cadeia lateral.

Aminoácido	3 Letras	1 Letra	Polaridade da cadeia lateral	Acidez ou basicidade da cadeia lateral	Índice de hidropatia
Arginina	Arg	R	polar	básico	-4,5
Asparagina	Asn	N	polar	neutro	-3,5
Ácido Aspártico	Asp	D	polar	ácido	-3,5
Cisteína	Cys	C	polar	neutro	2,5
Ácido glutâmico	Glu	E	polar	ácido	-3,5
Glutamina	Gln	Q	polar	neutro	-3,5
Histidina	His	H	polar	básico	-3,2
Lisina	Lys	K	polar	básico	-3,9
Serina	Ser	S	polar	neutro	-0,8
Treonina	Thr	T	polar	neutro	-0,7
Tirosina	Tyr	Y	polar	neutro	-1,3
Alanina	Ala	A	não polar	neutro	1,8
Glicina	Gly	G	não polar	neutro	-0,4
Isoleucina	Ile	I	não polar	neutro	4,5
Leucina	Leu	L	não polar	neutro	3,8
Metionina	Met	M	não polar	neutro	1,9
Fenilalanina	Phe	F	não polar	neutro	2,8
Prolina	Pro	P	não polar	neutro	-1,6
Triptofano	Trp	W	não polar	neutro	-0,9
Valina	Val	V	não polar	neutro	4,2

UM domínio de transmembrana em uma proteína pode ser identificado usando várias técnicas bem conhecidas no ramo tal como cristalografia de raio X, RMN, técnicas de fusão de gene, métodos de acessibilidade de cisteína substituída, exerimentos de glicosilação ligados em

Asp(N). Adicional ou alternativamente algoritmos de computador podem ser usados para prognosticar domínios de transmembrana. Os exemplos de tais domínios foram descritos e são disponíveis nas instituições que fornecem serviços de bioinformática (Willer *et al.* 2001. Bioinformatics 17, 646). O uso de um tal algoritmo para prognosticar os domínios de transmembrana em um polipeptídeo YTP é mostrado na seção de Exemplos aqui contida.

O domínio DUF221 refere-se a uma sequência de aminoácido conservada encontrada em algumas proteínas de origem eucariótica. Os domínios DUF221 são usualmente de 350 a 550 resíduos no comprimento. Os exemplos de domínios DUF221 compreendidos nos polipeptídeos YTP que se originam de *Arabidopsis thaliana* e *Oryza sativa* são representados pela SEQ ID NO: 518 a SEQ ID NO: 543. Uma sequência de consenso que representa a sequência SEQ ID NO: 518 a SEQ ID NO: 543 é dada na SEQ ID NO: 544.

Um polipeptídeo YTP preferido da invenção compreende um mínimo de 50 aminoácidos contíguos de um domínio DUF221 tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % ou 100 % de identidade da SEQuência com qualquer um dos domínios representados da SEQ ID NO: 518 até a SEQ ID NO: 544. A similaridade da SEQuência é preferivelmente estabelecida em um alinhamento local usando algoritmos bem conhecidos na técnica tais como Blast.

Um polipeptídeo YTP pode ser facilmente identificado pela pesquisa em bases de dados especializadas contendo domínios de proteína conservados tais como Pfam, (Finn *et al.* Nucleic Acids Research (2006) Database Issue 34: D247-D251). As ferramentas úteis na pesquisa de tais bases de dados são bem conhecidos na técnica, por exemplo INTERPRO (European Bioinformatics Institute, UK) que possibilita pesquisar diversas bases de dados de domínio de proteína simultaneamente.

Um domínio DUF221 pode ser identificado pela comparação

da SEQuência com polipeptídeos conhecidos que compreendem um domínio DUF221 e estabelecendo-se a similaridade percentual na região do domínio DUF221. As sequências podem ser alinhadas usando qualquer um dos métodos bem conhecidos na técnica tais como algoritmos Blast (para alinhamento local) ou BestFit (para alinhamento global). A probabilidade do alinhamento com uma dada sequência é tomada como base para identificar polipeptídeos similares. Um parâmetro que é tipicamente usado para representar tal probabilidade é chamado de valor e. O valor e é uma medida da credibilidade da contagem "S". "S" é uma medida da similaridade entre as duas sequências alinhadas. O valor e descreve quão frequentemente uma dada contagem "S" é esperada ocorrer ao acaso. O corte do valor e pode ser tão alto quanto 1,0. O limiar típico para um acerto confiável (verdadeiro) mostrando homologia da SEQuência significante para a sequência dúvida e que resultam de uma pesquisa BLAST é mais baixo do que 1.e-5, em alguns casos um limiar ainda mais baixo é tomado, por exemplo $1.e^{-10}$, ou ainda mais baixo.

Preferivelmente polipeptídeos YTPs úteis nos métodos da invenção compreendem pelo menos 50 aminoácidos contÍguos de um domínio DUF221 tendo em ordem crescente de preferência um valor e mais baixo do que $1.e^{-5}$, $1.e^{-10}$, $1.e^{-15}$, $1.e^{-20}$, $1.e^{-25}$, $1.e^{-50}$, $1.e^{-75}$, $1.e^{-100}$, $1.e^{-200}$, $1.e^{-300}$, $1.e^{-400}$, $1.e^{-500}$, $1.e^{-600}$, $1.e^{-700}$, $1.e^{-800}$, em um alinhamento local com um domínio DUF221 encontrado em um polipeptídeo YTP conhecido, tal como qualquer um dos polipeptídeos da Tabela A.

Deve ser entendido que os ácidos nucléicos que codificam um polipeptídeo YTP de acordo com a invenção não é restrito às sequências de origem natural. O ácido nucléico pode codificar um polipeptídeo YTP planejado "*de novo*".

Alternativa ou adicionalmente a proteína YTP tem em ordem crescente de preferência pelo menos 25 %, 26 %, 27 %, 28 %, 29 %, 30 %, 31 %, 32 %, 33 %, 34 %, 35 %, 36 %, 37 %, 38 %, 39 %, 40 %, 41 %, 42 %, 43

%, 44 %, 45 %, 46 %, 47 %, 48 %, 49 %, 50 %, 51 %, 52 %, 53 %, 54 %, 55 %, 56 %, 57 %, 58 %, 59 %, 60 %, 61 %, 62 %, 63 %, 64 %, 65 %, 66 %, 67 %, 68 %, 69 %, 70 %, 71 %, 72 %, 73 %, 74 %, 75 %, 76 %, 77 %, 78 %, 79 %, 80 %, 81 %, 82 %, 83 %, 84 %, 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, ou 99 % de identidade da SEQuência global para o aminoácido representado pela SEQ ID NO: 409.

A identidade da SEQuência global é determinada usando um algoritmo de alinhamento global, tal como o algoritmo de Needleman Wunsch no programa GAP (GCG Wisconsin Package, Accelrys), preferivelmente com parâmetros de default. Comparada com a identidade da SEQuência global, a identidade da SEQuência no geral será mais alta quando apenas domínios ou motivos conservados são considerados.

Preferivelmente, uma sequência de polipeptídeo YTP quando usada na construção de um árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

Os termos "domínio" e "motivo" são definidos na seção de "definições" aqui contida. As bases de dados especializadas existem para a identificação de domínios, por exemplo, SMART (Schultz *et al.* (1998) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95, 5857-5864; Letunic *et al.* (2002) Nucleic Acids Res 30, 242-244), InterPro (Mulder *et al.*, (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318), Prosite (Bucher e Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretação. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., pp 53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo *et al.*, Nucl. Acids. Res. 32: D134-D137, (2004)), ou Pfam (Bateman *et al.*, Nucleic Acids Research 30(1): 276-280 (2002). Um conjunto de ferramentas paara a

análise *in silico* da SEQuências de proteína é disponível nos servidor ExPASy proteomics (Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger *et al.*, ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids Res. 31: 3784-3788 (2003)).

A análise da sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 2 é apresentada abaixo nos Exemplos 2 e 4 aqui contidos. Por exemplo, um polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 compreende um domínio QLQ com um acesso InterPro IPR014978 (acesso PFAM PF08880) e um domínio WRC com um acesso InterPro IPR014977 (acesso PFAM PF08879) na base de dados de domínio InterPro. Os domínios também podem ser identificados usando técnicas de rotina, tal como pelo alinhamento da SEQuência. Um alinhamento do domínio QLQ dos polipeptídeos da Tabela A aqui contida, é mostrada na Figura 2, e o alinhamento do domínio WRC dos polipeptídeos da Tabela A aqui contida, é mostrada na Figura 3. Tais alinhamentos são úteis para identificar os aminoácidos mais conservados entre os polipeptídeos GRF, tais como os resíduos de aminoácido QLQ e WRC.

Os métodos para o alinhamento da SEQuências para comparações são bem conhecidos na técnica, tais métodos incluem GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA e TFASTA. GAP usa o algoritmo de Needleman e Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) para encontrar o alinhamento global (isto é, transpor as sequências completas) de duas sequências que maximizamente o número de emparelhamentos e minimiza o número de intervalo. O algoritmo BLAST (Altschul *et al.* (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula a identidade da SEQuência percentual e realiza uma análise estatística da similaridade entre as duas sequências. O software para realizar a análise BLAST é publicamente disponível através do National Centre for Biotechnology Information (NCBI). Homólogos podem ser facilmente identificados usando, por exemplo, o algoritmo de alinhamento da SEQuência

múltipla ClustalW (versão 1.83), com os parâmetros de alinhamento aos pares de default, e um método de contagem em porcentagem. As porcentagens globais de similaridade e identidade também podem ser determinadas usando um dos métodos disponíveis no pacote de software MatGAT (Campanella *et al.*, (2003) BMC Bioinformatics, 10: 29. MatGAT: uma aplicação que gera matrizes de similaridade/identidade usando sequências de proteína ou DNA). Edição manual menor pode ser realizada para otimizar o alinhamento entre motivos conservados, como estaria evidente a uma pessoa habilitada na técnica. Além disso, ao invés de usar sequências de tamanho natural para a identificação de homólogos, domínios específicos também podem ser usados. Os valores de identidade da SEQuência podem ser determinados na sequência de ácido nucléico ou sequência de polipeptídeo inteiras ou nos domínios ou motivos conservados selecionados, usando os programas mencionados acima usando os parâmetros de default.

Para alinhamentos locais, o algoritmo de Smith-Waterman é particularmente útil (Smith TF, Waterman MS (1981) J. Mol. Biol 147(1); 195-7).

Fora do domínio QLQ e do domínio WRC, os polipeptídeos GRF supsotamente têm identidade da SEQuência de aminoácido baixa. O Exemplo 3 aqui descreve na Tabela B a identidade percentual entre o polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 e os polipeptídeos GRF listados na Tabela A, que pode ser tão baixa quanto 15 % de identidade da SEQuência de aminoácido. A identidade percentual pode ser substancialmente aumentada se o cálculo da identidade é realizado entre o domínio QLQ SEQ ID NO: 2 (como representado pela SEQ ID NO: 115 compreendido na SEQ ID NO: 2; domínio QLQ dos polipeptídeos GRF da Tabela A representado na Figura 2) e os domínios QLQ dos polipeptídeos úteis na realização da invenção. Similarmente, a identidade percentual pode ser substancialmente aumentada se o cálculo da identidade é realizado entre o

domínio WRC SEQ ID NO: 2 (como representado pela SEQ ID NO: 116 compreendido na SEQ ID NO: 2; domínio WRC dos polipeptídeos GRF da Tabela A representado na Figura 3) e os domínios WRC dos polipeptídeos úteis na realização da invenção. Identidade percentual no domínio QLQ entre as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção varia entre 25 % e 99 % de identidade de aminoácido, e identidade percentual no domínio WRC entre as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção varia entre 60 % e 99 % de identidade de aminoácido. Como também pode ser observado na Figura 3, o domínio WRC é melhor conservado entre os polipeptídeos GRF diferentes do que o domínio QLQ, como mostrado na Figura 2.

A tarefa do prognóstico da localização subcelular da proteína é importante e bem estudada. Conhecer uma localização da proteína ajuda a elucidar a sua função. Os métodos experimentais para a localização de proteína variam de imunolocalização para a rotulação de proteínas usando proteína fluorescente verde (GFP) ou beta-glicuronidase (GUS). Tais métodos são precisos embora altamente dependente de mão de obra comparada com os métodos computacionais. Recentemente muito progresso tem sido feito no prognóstico computacional da localisação de proteína a partir dos dados da SEQuência. Juntamente com os algoritmos bem conhecidos a uma pessoa habilitada na técnica estão disponíveis no ExPASy Proteomics ferramentas hospedadas pelo Swiss Institute for Bioinformatics, por exemplo, PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, SignalP e outros.

Além disso, os polipeptídeos GRF úteis nos métodos da presente invenção (pelo menos na sua forma nativa) tipicamente, mas não necessariamente, têm atividade regulatória transcricional e capacidade para interagir com outras proteínas. Portanto, os polipeptídeos GRF com atividade rgulatória transcricional reduzida, sem atividade regulatória transcricional,

com capacidade de interação proteína-proteína reduzida, ou sem nenhuma capacidade de interação de proteína-proteína, pode ser igualmente útil nos métodos da presente invenção. A atividade de ligação de DNA e as interações de proteína-proteína podem ser facilmente determinadas *in vitro* ou *in vivo* usando técnicas bem conhecidas no ramo (por exemplo em Current Protocols in Molecular Biology, Volumes 1 e 2, Ausubel *et al.* (1994), Current Protocols). Os polipeptídeos GRF são capazes de ativação transcricional de genes repórter em células de levedura (Kim & Kende (2004) Proc Natl Acad Sci 101(36): 13374-13379). Os polipeptídeos GRF também são capazes de interagir com polipeptídeos do fator que interage com GRF (GIF1 a GIF3; também chamados de polipeptídeos de translocação de sarcoma sinovial (SYT), SYT1 a SYT3) *in vivo* em células de levedura, usando um ensaio de interação de proteína-proteína de híbrido duplo de levedura (Kim & Kende, supra). Os ensaios de ligação *in vitro* também são usados para mostrar que os polipeptídeos GRF e polipeptídeos GIF (também chamados de SYT) são parceiros interagentes (Kim & Kende, supra).

A presente invenção é ilustrada em uma forma de realização pela transformação de plantas com a sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 1, que codifica a sequência de polipeptídeo GRF da SEQ ID NO: 2. Entretanto, o desempenho da invenção não é restrita a estas sequências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como aqui definido.

A presente invenção é ilustrada em uma forma de realização pela transformação de plantas com a sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 120, que codifica a sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 121. Entretanto, o desempenho da invenção não é restrita a estas sequências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucléico codificador equivalente a RAA1 ou

polipeptídeo equivalente a RAA1 como aqui definidos.

Além disso, polipeptídeos equivalentes a RAA1, quando expressados no arroz de acordo com os métodos da presente invenção como esboçado nos exemplos, dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, em particular índice de raiz/broto aumentado, número aumentado de flores por panículo e Peso de Mil Grãos aumentado.

Os domínios de transmembrana são de cerca de 15 a 30 aminoácidos de comprimento e são usualmente compostos de resíduos hidrofóbicos que formam uma hélice alfa. Estes são usualmente prognosticados com base na hidrofobicidade (por exemplo Klein *et al.*, Biochim. Biophys. Acta 815, 468, 1985; ou Sonnhammer *et al.*, Em J. Glasgow, T. Littlejohn, F. Major, R. Lathrop, D. Sankoff, e C. Sensen, editores, Proceedings of the Sixth International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology, páginas 175-182, Menlo Park, CA, 1998. AAAI Press).

Os exemplos de proteínas que caem sob a definição de "polipeptídeo SYR ou um homólogo deste" são dados na Tabela A da seção de exemplos e incluem sequências de várias plantas monocotiledôneas, tais como arroz (SEQ ID NO: 169, SEQ ID NO: 179 e SEQ ID NO: 180), milho (SEQ ID NO: 181), trigo (SEQ ID NO: 182), cevada (SEQ ID NO: 183), cana de açúcar (SEQ ID NO: 184 e SEQ ID NO: 185), sorgo (SEQ ID NO: 186); e de plantas dicotiledôneas tais como *Arabidopsis* (SEQ ID NO: 187 e SEQ ID NO: 188), uva (SEQ ID NO: 189), cítricos (SEQ ID NO: 190) ou tomate (SEQ ID NO: 191 e SEQ ID NO: 192). É considerado que o domínio rico em Leu seja importante para a função da proteína, por este motivo as proteínas com o domínio rico em Leu mas sem os motivos conservados 5 ou 6 também podem ser úteis nos métodos da presente invenção; os exemplos de tais proteínas são dados nas SEQ ID NOs: 201 e 202.

Deve ser entendido que o termo "polipeptídeo SYR ou um

homólogo deste" não deve ser limitado à sequência representada pela SEQ ID NO: 169 ou aos homólogos listados como SEQ ID NO: 179 a SEQ ID NO: 192, mas que qualquer polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos que atinge os critérios de compreender um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade da SEQuência com a sequência da SEQ ID NO: 169, pode ser adequado para o uso nos métodos da invenção.

A atividade de uma proteína SYR ou homólogo desta pode ser ensaiada pela expressão da proteína SYR ou homólogo desta sob o controle de um promotor de GOS2 em *Oryza sativa*, que resulta em plantas com biomassa aumentada e/ou rendimento de semente aumentado sem uma demora no tempo de florescimento quando cultivadas sob condições de deficiência de nitrogênio ou sob condições de estresse de seca, e comparada com as plantas do tipo selvagem correspondentes. Este aumento no rendimento de semente pode ser medido de diversos modos, por exemplo como um aumento do peso de semente total, número de sementes cheias, taxa de enchimento, índice de colheita ou Peso de Mil Grãos.

A presente invenção é ilustrada em uma forma de realização pela transformação de plantas com a sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 168, que codifica a sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 169. Entretanto, o desempenho da invenção não é restrita a estas sequências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucléico que codifica SYR ou polipeptídeo SYR como aqui definidos.

Além disso, os polipeptídeos ARKL (pelo menos na sua forma nativa) tipicamente têm atividade da ubiquitina ligase E3 de proteína. As ferramentas e técnicas para medir a atividade da ubiquitina ligase E3 de

proteína são bem conhecidos na técnica (Patente US 6737244; WO/2001/075145; Miura *et al.* (2005) Proc Natl Acad Sci U S A. 102(21): 7760-7765; Kawasaki *et al.* (2005) The Plant Journal 44, 258-270. Em resumo a atividade da ubiquitina ligase E3 de um polipeptídeo ARKL pode ser ensaiada incubando-se a proteína ARKL com uma das proteínas E1 e E2 e ubiquitina rotulada. As proteínas ubiquitinadas podem ser detectadas depois da eletroforese de SDS-PAGE e manchmaneto usando um anticorpo para o rótulo da ubiquitina. Os exemplos de proteínas E1 e E2 que podem ser úteis no ensaio são a E1 do Trigo e a proteína E2 AtUBC1 de *Arabidopsis thaliana*. A ubiquitina rotulada com histidina e anticorpos para detectá-la são commercialmente disponíveis (Calbiochem, San Diego, CA, USA).

Além disso, os polipeptídeos ARKL, quando expressados no arroz de acordo com os métodos da presente invenção como esboçado nos exemplos, dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, em particular Peso de Mil Grãos, rendimento de semente total, vigor inicial e/ou índice de colheita.

A presente invenção é ilustrada em uma forma de realização pela transformação de plantas com a sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 212, que codifica a sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 213. Entretanto, o desempenho da invenção não é restrita a estas sequências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucléico que codifica ARKL ou polipeptídeo ARKL como aqui definidos.

Além disso, os polipeptídeos YTP tipicamente têm atividade de realçar o rendimento de semente. Ferramentas e técnicas para medir a atividade de realçar (ou melhorar) o rendimento são bem conhecidos na técnica. Outros detalhes são fornecidos na seção de exemplos aqui contida.

Além disso, os polipeptídeos YTP, quando expressados e fenotipicamente avaliados no arroz de acordo com os métodos da presente

invenção como esboçado nos Exemplos 10 a 15, dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, em particular um ou mais de peso de semente total, Peso de Mil Grãos, número de flores por panículo, taxa de enchimento de semente e índice de colheita.

A presente invenção é ilustrada em uma forma de realização pela transformação de plantas com a sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 408, que codifica a sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 409. Entretanto, o desempenho da invenção não é restrita a estas sequências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucléico que codifica YTP ou polipeptídeo YTP como aqui definido.

Os exemplos das sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos da invenção são dados na Tabela A do Exemplo 1 aqui contida, especialmente as sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de:

polipeptídeo GRF são dadas na Tabela A1,

polipeptídeo equivalente a RAA1 são dadas na Tabela A2,

polipeptídeo SYR são dadas na Tabela A3,

polipeptídeo ARKL são dadas na Tabela A4, e

polipeptídeo YTP são dadas na Tabela A5 respectivamente.

Tais sequências de ácido nucléico são úteis na realização dos métodos da invenção. As sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1 são sequências de exemplo de ortólogos e parálogos do polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e YTP representado pela SEQ ID NO: 2, 121, 169, 213 ou 409 respectivamente os termos "ortólogos" e "parálogos" sendo como aqui definidos. Outros ortólogos e parálogos podem ser facilmente identificados realizando-se um chamado de pesquisa de blast recíproca. Tipicamente, isto envolve um

primeiro BLAST envolvendo submenter a BLAST uma sequência dúvida (por exemplo usando qualquer uma das sequências listadas na Tabela A do Exemplo 1) contra qualquer base de dados da SEQuência, tal como a base de dados NCBI publicamente disponível. BLASTN ou TBLASTX (usando valores de default padrão) são no geral usadas quando começando de uma sequência de nucleotídeo, e BLASTP ou TBLASTN (usando valores de default padrão) quando começando de uma sequência de proteína. Os resultados de BLAST podem ser opcionalmente filtrados. As sequências de tamanho natural de cada um dos resultados filtrados ou resultados não filtrados são depois retro submetidos ao BLAST (segundo BLAST) contra sequências do organismo a partir do qual a sequência dúvida é derivada (onde a sequência dúvida é a SEQ ID NO: 1, 120, 168, 212 ou 408 respectivamente ou SEQ ID NO: 2, 121, 169, 213 ou 409 respectivamente o segundo BLAST portanto seria contra sequências de *Arabidopsis thaliana*). Os resultados do primeiro e segundo BLASTs são depois comparados. Um parálogo é identificado se um acerto de alta classificação do primeiro blast é da mesma espécie como da que a sequência dúvida é derivada, um retro BLAST depois idealmente resulta na sequência dúvida entre os acertos mais altos; um ortólogo é identificado se um acerto de alta classificação no primeiro BLAST não é da mesma espécie como da qual a sequência dúvida é derivada, e preferivelmente resulta no retro BLAST na sequência dúvida sendo entre os acertos mais altos.

O termo "Tabela A" usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo das Tabelas A1, A2, A3, A4 e/ou A5. o termo "Tabela A1" usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo da Tabela A1. O termo "Tabela A2" usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo da Tabela A2. O termo "Tabela A3" usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo da Tabela A3. O termo "Tabela A4"

usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo da Tabela A4. O termo "Tabela A5" usado neste relatório descritivo deve ser interpretado para especificar o conteúdo da Tabela A5.

Em uma forma de realização preferida, o termo "Tabela A" significa Tabela A1. Em uma forma de realização preferida, o termo "Tabela A" significa Tabela A2. Em uma forma de realização preferida, o termo "Tabela A" significa Tabela A3. Em uma forma de realização preferida, o termo "Tabela A" significa Tabela A4. Em uma forma de realização preferida, o termo "Tabela A" significa Tabela A5.

Acertos de alta classificação são aqueles tendo um valor E baixo. Quanto mais baixo o valor E, mais significante a contagem (ou em outras palavras mais baixa a chance que o aceerto dosse encontrado ao acaso). A computação do valor E é bem conhecida na técnica. Além dos valores E, commparações também são pontuadas pela identidade percentual. A identidade percentual refere-se ao número de nucleotídeos (ou aminoácidos) idênticos entre as duas sequências de ácido nucléico (ou polipeptídeo) comparadas em um comprimento particular. no caso de famílias grandes, ClustalW pode ser usado, seguido por uma árvore de união de vizinhos, para ajudar a visualizar a formação de grupo de genes relacionados e para identificar ortólogos e parálogos.

As variantes de ácido nucléico também podem ser úteis na prática dos métodos da invenção. Os exemplos de tais variantes incluem sequências de ácido nucléico que codificam homólogos e derivados de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1, os termos "homólogo" e "derivado" sendo como aqui definidos. Também úteis nos métodos da invenção são as sequências de ácido nucléico que codificam homólogos e derivados de ortólogos ou parálogos de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1. Homólogos e derivados úteis nos métodos da presente invenção têm substancialmente a

mesma atividade biológica e funcional como a proteína não modificada da qual eles são derivados.

Em uma forma de realização da invenção, um derivado preferido útil nos métodos da invenção é um polipeptídeo ARKL um resíduo de cisteína na posiçlão de ligando 5 (ver a Fig. 15) no domínio de dedo de RING coordinando um dos íons Zinco. Um outro derivado preferido útil nos métodos da invenção é um polipeptídeo ARKL tendo sete cisteínas e uma histidina (ZfC3HC4) como resíduos ácido nucléico nas posições de ligação do íon zinco.

Outras variantes de ácido nucléico úteis na prática dos métodos da invenção incluem porções das sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente, as sequências de ácido nucléico que hibridizam às sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente, variantes de junção das sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente, as variantes alélicas das sequências de ácido nucléico que codificam os polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente e variantes das sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionados do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente obtidos pelo

embaralhamento de gene. Os termos sequência que hibridiza, variante de junção, variante alélica e embaralhamento de gene são como aqui descritos.

As sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeos GRF, polipeptídeos equivalentes a RAA1, polipeptídeos SYR, os polipeptídeos ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente não precisam ser sequências de ácido nucléico de tamanho natural, visto que o desempenho dos métodos da invenção não contam com o uso da SEQuências de ácido nucléico de tamanho natural. De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento, em plantas, que compreende introduzir e expressar em uma planta uma porção de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou uma porção de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das sequênciass de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1.

Uma porção de uma sequência de ácido nucléico pode ser preparada, por exemplo, fabricando-se uma ou mais deleções para a sequência de ácido nucléico. As porções podem ser usadas na forma isolada ou ela pode ser fundida a outras sequências codificadoras (ou não codificadoras) de modo, por exemplo, a produzir uma proteína que combine diversas atividades. Quando fundido a outras sequências codificadoras, o polipeptídeo resultante produzido na tradução pode ser maior do que aquele prognosticado para a porção de proteína.

As porções úteis nos métodos da invenção, codificam em uma forma de realização um polipeptídeo GRF como aqui definido, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como as sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A1 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer uma das sequênciass de ácido nucléico dadas na Tabela A1 do Exemplo 1, ou é uma porção de uma sequência de ácido

nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A1 do Exemplo 1. Preferivelmente a porção tem, em ordem crescente de preferência, pelo menos 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1050, 1100, 1150, 1190 nucleotídeos consecutivos no comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A1 do Exemplo 1, ou de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A1 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de uma sequência de ácido nucléico que codifica uma sequência de polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116. O mais preferivelmente a porção é uma porção da sequência de ácido nucléico da SEQ ID NO: 1.

As porções úteis nos métodos da invenção, codificam em uma forma de realização um polipeptídeo equivalente a RAA1 como aqui definido, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como a sequência de aminoácidos dada na Tabela A2 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucléicos dados na Tabela A2 do Exemplo 1, ou é uma porção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer um das sequências de aminoácido dadas na Tabela A2 do Exemplo 1. Preferivelmente a porção tem pelo menos 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1100, 1200, 1300, 1400, 1500, 1600, 1700, 1800, 1900, 2000, 2100, 2200 nucleotídeos consecutivos no comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de

qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A2 do Exemplo 1, ou de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dada na Tabela A2 do Exemplo 1. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucléico da SEQ ID NO: 120. Preferivelmente, a porção codifica um fragmento de uma sequência de aminoácido que, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 8, agrupa-se com os grupo de polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreendem a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

As porções úteis nos métodos da invenção, codificam em uma forma de realização um polipeptídeo SYR como aqui definido, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como as sequências de aminoácido dadas na Tabela A3 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucléicos dados na Tabela A3 do Exemplo 1, ou é uma porção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A3 do Exemplo 1. Preferivelmente a porção tem pelo menos 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 550, 600 nucleotídeos consecutivos no comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das sequênciass de ácido nucléico dadas na Tabela A3 do Exemplo 1, ou de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A3 do Exemplo 1. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucléico da SEQ ID NO: 168. Preferivelmente, a porção codifica um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade da SEQuência com a sequência da SEQ ID

NO: 169.

As porções úteis nos métodos da invenção, codificam em uma forma de realização um polipeptídeo ARKL como aqui definido, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como as sequências de aminoácido dadas na Tabela A4 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucléicos dados na Tabela A4 do Exemplo 1, ou é uma porção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A4 do Exemplo 1. Preferivelmente a porção tem pelo menos 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, nucleotídeos consecutivos no comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das sequênciass de ácido nucléico dadas na Tabela A4 do Exemplo 1, ou de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A4 do Exemplo 1. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucléico da SEQ ID NO: 212. Preferivelmente, a porção codifica um fragmento de uma sequência de aminoácido que, quando usado na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 17, agrupa-se com o grupo dos polipeptídeos ARKL que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 213 ao invés de com qualquer outro grupo tal como aquele representado pela sequência Musmu-Goliath.

As porções úteis nos métodos da invenção, codificam em uma forma de realização um polipeptídeo YTP como aqui definido, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como as sequências de aminoácido dadas na Tabela A5 do Exemplo 1. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucléicos dados na Tabela A5 do Exemplo 1, ou é uma porção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A5 do Exemplo 1. Preferivelmente a porção tem pelo menos 300, 400, 500,

550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1500, 2000, 2500, 3000 nucleotídeos consecutivos no comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A5 do Exemplo 1, ou de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de aminoácido dadas na Tabela A5 do Exemplo 1. O mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucléico da SEQ ID NO: 408. Preferivelmente, a porção codifica um fragmento de uma sequência de aminoácido que, quando usado na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

Uma outra variante da SEQuência de ácido nucléico útil nos métodos da invenção é uma sequência de ácido nucléico capaz de hibridizar, sob condições de severidade reduzida, preferivelmente sob condições severas, com uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui definido, ou com uma porção como aqui definida.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas, que compreende introduzir e expressar em uma planta uma sequência de ácido nucléico capaz de hibridizar a qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou que compreende introduzir e expressar em uma planta uma sequência de ácido nucléico capaz de hibridizar a uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1.

As sequências que hibridizam úteis nos métodos da invenção

codificam um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui definidos, e têm substancialmente a mesma atividade biológica como as sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1. Preferivelmente, a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou a uma porção de qualquer uma dessas sequências, uma porção sendo como definida acima, ou em que a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1.

Preferivelmente, em uma forma de realização a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a uma sequência de ácido nucléico que codifica uma sequência de polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116. O mais preferivelmente, a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a uma sequência de ácido nucléico como representada pela SEQ ID NO: 1 ou a uma porção desta.

Preferivelmente, em uma forma de realização a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a um ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 120 ou a uma porção desta.

Preferivelmente, a sequência que hibridiza codifica um polipeptídeo com uma sequência de aminoácido que, quando de tamanho natural e usado na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela

representada na Figura 8, agrupa-se com o grupo de polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreendem a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

Preferivelmente, em uma forma de realização a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a um ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 168 ou a uma porção destas.

Preferivelmente, a sequência que hibridiza codifica um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade da SEQuência com a sequência da SEQ ID NO: 169.

Preferivelmente, em uma forma de realização a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a um ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 212 ou a uma porção destas.

Preferivelmente, a sequência que hibridiza codifica um polipeptídeo com uma sequência de aminoácido que, quando de tamanho natural e usado na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 17, agrupa-se com o grupo dos polipeptídeos ARKL que compreendem a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 213 ao invés de com qualquer outro grupo tal como aquele representado pela sequência de Musmu-Goliath.

Preferivelmente, em uma forma de realização a sequência que hibridiza é capaz de hibridizar a um ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 408 ou a uma porção destas.

Preferivelmente, a sequência que hibridiza codifica um polipeptídeo com uma sequência de aminoácido que, quando de tamanho natural e usado na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela como na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de

aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

Uma outra variante da SEQuência de ácido nucléico útil nos métodos da invenção é uma variante de junção que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui acima definido, uma variante de junção sendo como aqui definida.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento, que compreende introduzir e expressar em uma planta uma variante de junção de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou uma variante de junção de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1.

As variantes de junção preferidas são em uma forma de realização variantes de junção de uma sequência de ácido nucléico representada pela SEQ ID NO: 1, ou uma variante de junção de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 2. Preferivelmente, a variante de junção é uma variante de junção de uma sequência de ácido nucléico que codifica uma sequência de polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da SEQuência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116.

As variantes de junção preferidas são em uma forma de

realização variantes de junção de um ácido nucléico representado pela SEQ ID NO: 120, ou uma variante de junção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 121. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante de junção, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 8, agrupa-se com o grupo de polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

As variantes de junção preferidas são em uma forma de realização variantes de junção de um ácido nucléico representado pela SEQ ID NO: 168, ou uma variante de junção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 169. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante de junção é um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade da SEQuência com a sequência da SEQ ID NO: 169.

As Variantes de junção preferidas são em uma forma de realização variantes de junção de um ácido nucléico representado pela SEQ ID NO: 212, ou uma variante de junção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 213. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante de junção, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 17, agrupa-se com o grupo dos polipeptídeos ARKL que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 213 ao invés de com qualquer outro grupo tal como aquele representado pela sequência de Musmu-Goliath.

As variantes de junção preferidas são em uma forma de realização variantes de junção de um ácido nucléico representado pela SEQ

ID NO: 408, ou uma variante de junção de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 409. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante de junção, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

Uma outra variante da sequência de ácido nucléico útil na realização dos métodos da invenção é uma variante alélica de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui acima definidos, uma variante alélica sendo como aqui definida.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento, que compreende introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou que compreende introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1.

As variantes alélicas úteis em uma forma de realização da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica como o polipeptídeo GRF da SEQ ID NO: 2 e qualquer uma das sequências de polipeptídeo representadas na Tabela A do Exemplo 1. As variantes alélicas existem na natureza, e abrangidas dentro dos métodos da presente invenção é o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica da SEQ ID NO: 1 ou uma variante alélica de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 2.

Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica de uma sequência de polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116.

As variantes alélicas úteis em uma forma de realização da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica como o polipeptídeo equivalente a RAA1 da SEQ ID NO: 121 e qualquer um dos aminoácidos representados na Tabela A do Exemplo 1. As variantes alélicas existem na natureza, e abrangidas dentro dos métodos da presente invenção está o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica da SEQ ID NO: 120 ou uma variante alélica de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 121. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante alélica, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 8, agrupa-se com os polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreendem a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

As variantes alélicas úteis em uma forma de realização da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica como o polipeptídeo SYR da SEQ ID NO: 169 e qualquer um dos aminoácidos representados na Tabela A do Exemplo 1. As variantes alélicas existem na natureza, e abrangidas dentro dos métodos da presente invenção está o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica da SEQ ID NO: 168 ou uma variante alélica de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 169. Preferivelmente, a

sequência de aminoácido codificada pela variante alélica é um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade de sequência com a sequência da SEQ ID NO: 169.

As variantes alélicas úteis em uma forma de realização da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica como o polipeptídeo ARKL da SEQ ID NO: 213 e qualquer um dos aminoácidos representados na Tabela A do Exemplo 1. As variantes alélicas existem na natureza, e abrangido dentro dos métodos da presente invenção está o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica da SEQ ID NO: 212 ou uma variante alélica de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 213. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante alélica, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 17, agrupa-se com o grupo dos polipeptídeos ARKL que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 213 ao invés de com qualquer outro grupo tal como aquele representado pela sequência de Musmu-Goliath.

As variantes alélicas úteis em uma forma de realização da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica como o polipeptídeo YTP da SEQ ID NO: 409 e qualquer um dos aminoácidos representados na Tabela A do Exemplo 1. As variantes alélicas existem na natureza, e abrangidos dentro dos métodos da presente invenção está o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica da SEQ ID NO: 408 ou uma variante alélica de um ácido nucléico que codifica um ortólogo ou parálogo da SEQ ID NO: 409. Preferivelmente, a sequência de aminoácido codificada pela variante alélica, quando usada na

construção de uma árvore filogenética, tal como aquela representada na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

O embaralhamento de gene ou a evolução direcionada também podem ser usados para gerar variantes das sequências de ácido nucléico que codificam um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e os polipeptídeos YTP respectivamente como definido acima, o termo "embaralhamento de gene" sendo como aqui definido.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento, que compreende introduzir e expressar em uma planta uma variante de qualquer uma das sequências de ácido nucléico dadas na Tabela A do Exemplo 1, ou que compreende introduzir e expressar em uma planta uma variante de uma sequência de ácido nucléico que codifica um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A do Exemplo 1, sequência de ácido nucléico variante esta variante que é obtida pelo embaralhamento de gene.

Preferivelmente em uma forma de realização, a sequência de ácido nucléico variante obtida pelo embaralhamento de gene codifica uma sequência de polipeptídeo que compreende: (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116.

Preferivelmente em uma forma de realização, a sequência de

aminoácido codificada pelo ácido nucléico variante obtido pelo embaralhamento de gene, quando usado na construção de uma árvore filogenética tal como aquela representada na Figura 8, agrupa-se com o grupo de polipeptídeos equivalentes a RAA1 que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 121 ao invés de com qualquer outro grupo.

Preferivelmente em uma forma de realização, a sequência de aminoácido codificada pelo ácido nucléico variante obtido pelo embaralhamento de gene é um polipeptídeo de cerca de 65 a cerca de 200 aminoácidos, que compreende um domínio rico em leucina como definido acima, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (a, b, c ou d) e seguido pelo motivo conservado 6 e preferivelmente também pelo motivo conservado 7; ou tendo pelo menos 38 % de identidade de sequência com a sequência da SEQ ID NO: 169.

Preferivelmente em uma forma de realização, a sequência de aminoácido codificada pelo ácido nucléico variante obtido pelo embaralhamento de gene, quando usado na construção de uma árvore filogenética tal como aquela representada na Figura 17, agrupa-se com o grupo dos polipeptídeos ARKL que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 213 ao invés de com qualquer outro grupo tal como aquele representado pela sequência PF00097Musmu-Goliath.

Preferivelmente em uma forma de realização, a sequência de aminoácido codificada pelo ácido nucléico variante obtido pelo embaralhamento de gene, quando usado na construção de uma árvore filogenética tal como aquela representada na Figura 21, agrupa-se com o Grupo 1, que compreende a sequência de aminoácido representada pela SEQ ID NO: 409 ao invés de com os polipeptídeos YTP no Grupo 2.

Além disso, as variantes da sequência de ácido nucléico também podem ser obtidos pela mutagênese direcionada ao sítio. Diversos

métodos são disponível para se obter mutagênese direcionada ao sítio, o mais comum sendo métodos com base em PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

As sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos GRF podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. A sequência de ácido nucléico pode ser modificada a partir da sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através da manipulação humana deliberada. Preferivelmente a sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF é de uma planta, mais preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família *Brassicaceae*, mais preferivelmente a sequência de ácido nucléico é da *Arabidopsis thaliana*.

Os ácidos nucléicos que codificam polipeptídeos equivalentes a RAA1 podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucléico pode ser modificado a partir da sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através da manipulação humana deliberada. Preferivelmente o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo equivalente a RAA1 é de uma planta, mais preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente o ácido nucléico é de *Oryza sativa*.

Os ácido nucléicos que codificam polipeptídeos SYR podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucléico pode ser modificado a partir da sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através da manipulação humana deliberada. Preferivelmente o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo SYR é de uma planta, mais preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente o ácido nucléico é de *Oryza sativa*.

Os ácidos nucléicos que codificam os polipeptídeos ARKL podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucléico pode ser modificado a partir da sua forma nativa em composição e/ou

ambiente genômico através da manipulação humana deliberada. Preferivelmente o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo ARKL é de uma planta, mais preferivelmente de um planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente o ácido nucléico é de *Oryza sativa*.

Os ácidos nucléicos que codificam os polipeptídeos YTP também podem ser codificados por um polipeptídeo YTP planejado *de novo*, isto é, não derivado de uma fonte natural. O ácido nucléico pode ser modificado a partir da sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através da manipulação humana deliberada. Preferivelmente o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo YTP é de uma planta, mais preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente o ácido nucléico é de *Oryza sativa*.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas. Em particular o desempenho dos métodos da invenção dá plantas tendo rendimento aumentado, especialmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle. Os termos "rendimentos" e "rendimento de semente" são descritos em mais detalhes na seção "definições" aqui contida.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas tendo resistência ao estresse abiótico aumentada (ou tolerância ao estresse abiótico, termos estes que são usados intercambiavelmente), efetuada como características relacionadas com o rendimento realçadas comparada com as plantas de controle quando cultivadas sob estresse abiótico. Em particular, o desempenho dos métodos da invenção dá plantas tendo rendimento aumentado, especialmente rendimento de semente aumentado e biomassa aumentada em relação às plantas de

controle. Os termos "rendimento" e "rendimento de semente" são descritos em mais detalhes na seção "definições" aqui contida.

Referência aqui contida aos características relacionadas com o rendimento realçadas é considerada significar um aumento na biomassa (peso) de uma ou mais partes de uma planta, que podem incluir partes acima do solo (colhível) e/ou partes (colhíveis) abaixo do solo.

Em uma forma de realização, tais partes colhíveis são sementes, e o desempenho dos métodos da invenção resulta em plantas tendo rendimento de semente aumentado em relação ao rendimento de semente de plantas de controle.

Em uma forma de realização tais partes colhíveis são raízes, flores e/ou sementes, e o desempenho dos métodos da invenção resulta em plantas tendo biomassa e/ou rendimento de semente aumentadas em relação ao rendimento de semente de plantas de controle.

Em uma forma de realização, tais partes colhíveis são sementes, e o desempenho dos métodos da invenção resulta em plantas tendo rendimento, peso de semente total, taxa de enchimento de semente, número de flores (ou flósculos), índice de colheita, e Peso de Mil Grãos aumentados em relação às plantas de controle.

Tomando o milho como um exemplo, um aumento de rendimento pode ser manifestado como um ou mais dos seguintes: aumento no número de plantas estabelecidas por hectare ou acre, um aumento no número de espigas por planta, um aumento no número de fileiras, número de grãos por fileira, peso do grão, Peso de Mil Grãos, comprimento/diâmetro da espiga, aumento na taxa de enchimento de semente (que é o número de sementes cheias divididas pelo número total de sementes e multiplicado por 100), entre outros. Tomando arroz como um exemplo, um aumento no rendimento pode manifestar-se por si só como um aumento em um ou mais dos seguintes: número de plantas por hectare ou acre, número de panículos

por planta, número de espigueta por panículo, número de flores (flósculos) por panículo (que é expressado como uma razão do número de sementes cheias sobre o número de panículos primários), aumento na taxa de enchimento de semente (que é o número de sementes cheias dividido pelo número total de sementes e multiplicado por 100), aumento no Peso de Mil Grãos, entre outros.

A presente invenção fornece um método para aumentar características relacionadas com o rendimento de plantas em relação às plantas de controle, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF e polipeptídeo equivalente a RAA1 respectivamente como aqui definido.

A presente invenção fornece um método para aumentar a resistência ao estresse abiótico de plantas, resultando em rendimento aumentado, especialmente rendimento de semente e/ou biomassa aumentada de plantas, em relação às plantas de controle, quando cultivadas sob condições de estresse abiótico, método este que compreende modular a expressão, preferivelmente expressão crescente, em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR como aqui definido.

A presente invenção fornece um método para aumentar o rendimento, especialmente rendimento de semente de plantas, em relação às plantas de controle, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL como aqui definido.

A presente invenção fornece um método para aumentar o rendimento, especialmente rendimento de semente de plantas, em relação às plantas de controle, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP como aqui definido.

Visto que as plantas transgênicas de acordo com a presente invenção têm características relacionadas com o rendimento aumentadas, é provável que estas plantas exibam uma taxa de crescimento aumentada (durante pelo menos parte de seu ciclo de vida), em relação à taxa de crescimento de plantas de controle em um estágio correspondente em seu ciclo de vida.

Além da capacidade de rendimento aumentado, uma eficiência aumentada de captação de nutriente também pode contribuir para o aumento no rendimento. É observado que as plantas de acordo com a presente invenção mostram uma eficiência mais alta na captação de nutriente. A eficiência aumentada de captação de nutriente permite melhor crescimento da planta, quando a planta está sob estresse. Também é observado que as plantas transgênicas de acordo com a presente invenção têm tolerância ao estresse de seca aumentada, permitindo que as plantas continuem a crescer sob condições que retardam ou inibem o crescimento de plantas de controle.

A taxa de crescimento aumentada pode ser específica a uma ou mais partes de uma planta (incluindo sementes), ou pode ser substancialmente por toda a planta. As plantas tendo uma taxa de crescimento aumentada podem ter um ciclo de vida mais curto. O ciclo de vida de uma planta pode ser considerado significar o tempo necessário para crescer a partir de uma semente madura seca até o estágio onde a planta produziu sementes maduras secas, similares ao material inicial. Este ciclo de vida pode ser influenciado por fatores tais como vigor inicial, taxa de crescimento, índice de verdura, tempo de florescimento e velocidade de maturação de semente. O aumento na taxa de crescimento pode ocorrer em um ou mais estágios no ciclo de vida de uma planta ou durante substancialmente o ciclo de vida da planta inteiro. A taxa de crescimento aumentada durante os estágios iniciais no ciclo de vida de uma planta pode refletir vigor aumentado (inicial). O aumento na taxa de crescimento pode alterar o ciclo de colheita de uma planta permitindo que as

plantas sejam semeadas mais tarde e/ou colhidas mais cedo do que de outro modo seria possível (um efeito similar pode ser obtido com tempo de florescimento mais cedo; florescimento demorado usualmente não é um traço desejado em safras). Se a taxa de crescimento é suficientemente aumentado, pode permitir a semeadura adicional de sementes da mesma espécie de planta (por exemplo semeadura e colheita de plantas de arroz seguidas pela semeadura e colheita de mais plantas de arroz todas dentro de um período de crescimento convencional). Similarmente, se a taxa de crescimento é suficientemente aumentada, pode permitir a semeadura adicional de sementes de espécies de plantas diferentes (por exemplo a semeadura e colheita de plantas de milho seguidas, por exemplo, pela semeadura e colheita opcional de soja, batata ou qualquer outra planta adequada). Os tempos adicionais de colheita do mesmo rizoma no caso de algumas plantas de safra também pode ser possível. Alterar o ciclo de colheita de uma planta pode levar a um aumento na produção de biomassa anual por acre (devido a um aumento no número de vezes (digamos em um ano) que qualquer planta particular pode ser cultivada e colhida). Um aumento na taxa de crescimento também pode permitir o cultivo de plantas transgênicas em uma área geográfica mais ampla do que as suas contrapartes do tipo selvagem, visto que as limitações territoriais para cultivar uma safra são frequentemente determinadas pelas condições ambientais adversas no tempo de plantar (estação inicial) ou no tempo de colheita (estação tardia). Tais condições adversas podem ser evitadas se o ciclo de colheita é encurtado. A taxa de crescimento pode ser determinada pela derivação de vários parâmetros a partir de curvas de crescimento, tais parâmetros podem ser: T-Mid (o tempo levado para as plantas atingirem 50 % de seu tamanho máximo) e T-90 (tempo levado para as plantas atingirem 90 % de seu tamanho máximo), entre outros.

De acordo com uma característica preferida da presente invenção, o desempenho dos métodos da invenção dá plantas tendo uma taxa

de crescimento aumentada em relação às plantas de controle. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar a taxa de crescimento de plantas, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF ou um polipeptídeo equivalente a RAA1 ou um polipeptídeo YTP ou um polipeptídeo ARKL como aqui definidos.

De acordo com uma característica preferida da presente invenção, o desempenho dos métodos da invenção dá plantas tendo uma taxa de crescimento aumentada em relação às plantas de controle quando cultivadas sob condições de estresse abiótico. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar a taxa de crescimento de plantas sob condições de estresse abiótico, método este que compreende modular a expressão, preferivelmente a expressão crescente, em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR como aqui definido.

Traços relacionados com o rendimento aumentados ocorrem se a planta está sob condições não estressantes ou se a planta é exposta aos vários estresses comparada com as plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. As plantas tipicamente respondem à exposição ao estresse crescendo mais lentamente. Em condições de estresse severo, a planta pode mesmo parar de crescer completamente. O estresse brando por outro lado é aqui definido como sendo qualquer estresse ao qual uma planta é exposta que não resulta na planta cessando de crescer completamente sem a capacidade para retomar o crescimento. O estresse brando no sentido da invenção leva a uma redução no crescimento das plantas estressadas de menos do que 40 %, 35 % ou 30 %, preferivelmente menos do que 25 %, 20 % ou 15 %, mais preferivelmente menos do que 14 %, 13 %, 12 %, 11 % ou 10 % ou menos em comparação com a planta de controle sob condições não estressantes. Devido aos avanços nas práticas agrícolas (irrigação,

fertilização, tratamentos com pesticida) os estresses severos não são frequentemente encontrados em plantas de safra cultivadas. Como uma consequência, o crescimento comprometido induzido pelo estresse brando é frequentemente uma característica indesável para a agricultura. Os estresses brandos são os estresses biótico e/ou abiótico (ambientais) de todos os dias aos quais uma planta é exposta.

Os estresses abióticos podem ser devido à seca ou água em excesso, estresse anaeróbico, estresse salino, toxicidade química, estresse oxidativo e temperaturas quentes, frias ou congelantes. O estresse abiótico pode ser um estresse osmótico causado por um estresse de água (particularmente devido à seca), estresse salino, estresse oxidativo ou um estresse iônico. Os estresses bióticos são tipicamente aqueles estresses causados pelos patógenos, tais como bactérias, vírus, fungos, nematóides, e insetos. O termo condições "não estressantes" como aqui usado são aquelas condições ambientais que permitem o crescimento ótimo de plantas. As pessoas habilitadas na técnica estão cientes das condições de solo e condições climáticas normais para uma dada localidade.

Em particular, os métodos da presente invenção podem ser realizado sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda para dar plantas tendo rendimento aumentado em relação às plantas de controle. Como relatado em Wang *et al*. (Planta (2003) 218: 1-14), o estresse abiótico leva a uma série de mudanças morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares que afetam adversamente o crescimento e a produtividade da planta. Seca, salinidade, temperaturas extremas e estresse oxidativos são conhecidos serem interconectados e podem induzir o crescimento e dano celular através de mecanismos similares. Rabbani *et al*. (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) descrevem um grau particularmente alto de "conversa cruzada" entre o estresse pela seca e estresse de alta salinidade. Por exemplo, a seca e/ou a salinisação são manifestadas

primariamente como estresse osmótico, resultando no rompimento da homeostase e distribuição de íon na célula. O estresse oxidativo, que frequentemente acompanha temperatura alta ou baixa, estresse pela salinidade ou seca, pode causar a desnaturação de proteínas funcionais e estruturais. Como uma consequência, estes estresses ambientais diversos frequentemente ativam os caminhos de sinalização de célula similares e respostas celulares, tais como a produção de proteínas de estresse, super-regulagem de anti-oxidantes, acúmulo de solutos compatíveis e parada de crescimento. O termo condições "não estressantes" como aqui usado são aquelas condições ambientais que permitem o crescimento ótimo das plantas. As pessoas habilitadas na técnica estão cientes das condições de solo e condições climáticas normais para uma dada localização.

Um aumento no rendimento e/ou taxa de crescimento ocorre se a planta está sob condições não estressantes ou se a planta é exposta aos vários stresses comparada com as plantas de controle.

As plantas tipicamente respondem à exposição ao estresse crescendo mais lentamente. Em condições de estresse severo, a planta pode ainda oarar de crescer completamente. O estresse brando por outro lado é aqui definido como sendo qualquer estresse ao qual uma planta é exposta que não resulta na planta cessando de crescer completamente sem a capacidade para retomar o crescimento. Devido aos avanços nas práticas da agricultura (irrigação, fertilização, tratamentos com pesticida) estresses severos não são frequentemente encontrados nas plantas de safra cultivadas. Como uma consequência, o crescimento comprometido induzido pelo estresse brando é frequentemente uma característica indesejável para a agricultura. Os estresses brandos são os estresses bióticos e/ou abióticos (ambientais) de todos os dias aos quais uma planta é exposta. Os estresses abióticos podem ser devido à seca ou água em excesso, estresse anaeróbico, estresse salino, toxicidade química, estresse oxidativo e temperaturas quentes, frias ou congelantes. O

estresse abiótico pode ser um estresse osmótico causado por um estresse de água (particularmente devido à seca), estresse salino, estresse oxidativo ou um estresse iônico. Os estresses bióticos são tipicamente aqueles estresses causados pelos patógenos, tais como bactérias, vírus, fungos e insetos.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de estresse brando tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de estresse brando, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF.

O desempenho dos métodos de acordo com a presente invenção resulta em plantas cultivadas sob condições de estresse abiótico tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle cultivadas sob condições de estresse comparáveis. Como relatado em Wang *et al.* (Planta (2003) 218: 1-14), o estresse abiótico leva a uma série de mudanças morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares que afetam adversamente o crescimento e a produtividade da planta. A seca, salinidade, temperaturas extremas e estresse oxidativo são conhecidos serem interconectados e podem induzir o crescimento e dano celulares através de mecanismos similares. Rabbani *et al.* (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) descreve um grau particularmente alto de "conversa cruzada" entre o estresse pela seca e o estresse de alta salinidade. Por exemplo, a seca e/ou salinização são manifestadas primariamente como estresse osmótico, resultando no rompimento da homeostase e distribução de íon na célula. O estresse oxidativo, que frequentemente acompanha as temperaturas altas ou baixas, estresse pela salinidade ou seca, pode causar a

desnaturação das proteínas funcionais e estruturais. Como uma consequência, estes diversos estresses ambientais frequentemente ativam caminhos de sinalização de célula similares e respostas celulares, tais como a produção de proteínas de estresse, super-regulagem de anti-oxidantes, acúmulo de solutos compatíveis e parada de crescimento. Visto que diversos estresses ambientais ativam caminhos similares, a exemplificação da presente invenção com estresse pela seca não deve ser observado como uma limitação ao estresse pela seca, mas mais como uma triagem para indicar o envolvimento de polipeptídeos GRF como definido acima, em aumentar características relacionadas com o rendimento em relação às plantas de controle cultivadas em condições de estresse comparáveis, em estresses abióticos no geral.

O termo "estresse abiótico" como aqui definido é considerado significar qualquer um ou mais de: estresse pela água (devido à seca ou água em excesso), estresse anaeróbico, estresse salino, estresse de temperatura (devido às temperaturas quentes, frias ou congelantes), estresse de toxicidade química e estresse oxidativo. De acordo com um aspecto da invenção, o estresse abiótico é um estresse osmótico, selecionado de estresse pela água, estresse salino, estresse oxidativo e estresse iônico. Preferivelmente, o estresse pela água é o estresse pela seca. O termo estresse salino não é restrito ao sal comum (NaCl), mas pode ser qualquer estresse causado por um ou mais de: NaCl, KCl, LiCl, $MgCl_2$, $CaCl_2$, entre outros.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, sob condições de estresse abiótico em relação às plantas de controle cultivadas em condições de estresse comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas com o rendimento, em plantas cultivadas sob condições de estresse abiótico, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF. De acordo com um

aspecto da invenção, o estresse abiótico é um estresse osmótico, selecionado de um ou mais dos seguintes: estresse pela água, estresse salino, estresse oxidativo e estresse iônico.

Um outro exemplo de estresse ambiental abiótico é a disponibilidade reduzida de um ou mais nutrientes que necessitam ser assimilados pelas plantas para crescer e desenvolver. Por causa da forte influência da eficiência de utilização de nutrição sobre o rendimento da planta e qualidade de produto, uma quantidade enorme de fertilizante é vertida nos campos para otimizar o crescimento e qualidade da planta. A produtividade de plantas ordinariamente é limitada por três nutrientes primários, fósforo, potássio e nitrogênio, que é usualmente o elemento limitante de taxa no crescimento da planta destes três. Portanto o elemento nutricional principal requerido para o crescimento da planta é o nitrogênio (N). O mesmo é um constituinte de numerosos compostos importantes encontrados nas células vivas, incluindo aminoácidos, proteínas (enzimas), ácido nucléicos, e clorofila. 1,5 % a 2 % de matéria seca vegetal é nitrogênio e aproximadamente 16 % da proteína vegtal total. Assim, a disponibilidade de nitrogênio é um fator limitante principal para o crescimento e produção da planta de safra (Frink *et al.* (1999) Proc Natl Acad Sci USA 96(4): 1175-1180), e tem também um maior impacto sobre o acúmulo de proteína e composição de aminoácido. Portanto, de enorme interesse são as plantas de safra com características relacionadas com o rendimento aumentadas, quando cultivadas sob condições limitantes de nitrogênio.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas cultivadas sob condições de disponibilidade de nutriente reduzida, particularmente sob condições de disponibilidade de nitrogênio reduzida, tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar características relacionadas

com o rendimento em plantas cultivadas sob condições de disponibilidade de nutriente reduzida, preferivelmente disponibilidade de nitrogênio reduzida, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF. A disponibilidade de nutriente reduzida pode resultar de uma deficiência ou excesso de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros. Preferivelmente, a disponibilidade de nutriente reduzida é a disponibilidade de nitrogênio reduzida.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, particularmente sob condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1. A deficiência de nutriente pode resultar de uma falta de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas cultivadas

sob condições de estresse abiótico tais como condições de seca branda a severa rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições de estresse abiótico tal como condições de seca branda a severa, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR. O termo "condições de seca severa" ou "estresse pela seca severo" como aqui usado são aquelas condições de seca que causam uma redução de rendimento de 50 % ou mais nas plantas de controle, comparado com o rendimento de plantas de controle cultivadas sob condições não estressantes.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, particularmente sob condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, método este que compreende a expressão crescente em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR. A deficiência de nutriente pode resultar de uma falta de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um

polipeptídeo ARKL.

O desempenho dos métodos da invenção dá em uma forma de realização plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, particularmente sob condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL. A deficiência de nutriente pode resultar de uma falta de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições não estressantes ou sob condições de seca branda, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP.

O desempenho dos métodos da invenção dá plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, particularmente sob condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação às plantas de controle cultivadas sob condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar o rendimento em plantas cultivadas sob condições de deficiência de nutriente, método este que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP. A deficiência de nutriente pode resultar de uma falta de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos

contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

A presente invenção abrange plantas ou partes destas (incluindo sementes) ou células destas obteníveis pelos métodos de acordo com a presente invenção. As plantas ou partes destas ou células destas compreendem um transgene de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como definido acima.

A invenção também fornece construções genéticas e vetores para facilitar a introdução e/ou expressão aumentada em plantas das sequências de ácido nucléico que codificam um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente. As construções de gene podem ser inseridas em vetores, que podem ser comercialmente disponíveis, adequados para transformação em plantas e para a expressão do gene de interesse nas células transformadas. a invenção também fornece o uso de uma construção de gene como aqui definida nos métodos da invenção.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização uma construção que compreende:

(a) uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como definido acima;

(b) uma ou mais sequências de controle capazes de expressão crescente da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(c) uma sequência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, a sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF é como definido acima. Os termos "sequência de controle" e "sequência de terminação" são como aqui definidos.

Preferivelmente, uma das sequências de controle de uma construção é um promotor constitutivo isolado de um genoma vegetal. Um exemplo de um promotor constitutivo de planta é um promotor de GOS2, preferivelmente um promotor do arroz de GOS2, mais preferivelmente um promotor de GOS2 como representado pela SEQ ID NO: 117.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização uma construção que compreende:

(d) um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 como definido acima;

(e) uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(f) uma sequência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, o ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 é como definido acima. O termo "sequência de controle" e "sequência de terminação" são como aqui definidos.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização uma construção que compreende:

1. um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR como definido acima;

2. uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

3. uma sequência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, o ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR é como definido acima. O termo "sequência de controle" e "sequência de terminação" são como aqui definidos.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização uma construção que compreende:

1. um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL como definido acima;

2. uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

3. uma sequência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, o ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL é como definido acima. Os termos "sequência de controle" e "sequência de terminação" são como aqui definidos.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização uma construção que compreende:

1. um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP como definido acima;

2. uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

3. uma sequência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, o ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP é como definido acima. Os termos "sequência de controle" e "sequência de terminação" são como aqui definidos.

As plantas são transformadas com um vetor que compreende qualquer uma das sequências de ácido nucléico descritas acima. O técnico habilitado está bem ciente dos elementos genéticos que devem estar presentes no vetor de modo a transformar, selecionar e propagar com êxito células hospedeiras contendo a sequência de interesse. A sequência de interesse é operavelmente ligada a uma ou mais sequências de controle (pelo menos a um promotor).

Vantajosamente, qualquer tipo de promotor, seja natural ou sintético, pode ser usado para aumentar a expressão da sequência de ácido nucléico. Um promotor constitutivo é particularmente útil nos métodos, preferivelmente um promotor constitutivo isolado de um genoma vegetal. O promotor constitutivo de planta direciona a expressão de uma sequência codificadora em um nível que está em todos os casos abaixo daquele obtido

sob o controle de um promotor viral do 35S CaMV.

Outros promotores específicos de órgão, por exemplo para a expressão preferida em folhas, hastes, tubérculos, meristemas, sementes (embrião e/ou endosperma), são úteis na realização dos métodos da invenção. Ver a seção "Definições" aqui contida para definições dos vários tipos de promotor.

Preferivelmente em uma forma de realização o promotor constitutivo também é um promotor ubíquo. Ver a seção "Definições" aqui contida para as definições dos vários tipos de promotor.

Deve estar claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita a uma sequência de ácido nucléico que codifica o polipeptídeo GRF, como representado pela SEQ ID NO: 1, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de uma sequência de ácido nucléico que codifica o polipeptídeo GRF quando direcionada por um promotor constitutivo.

Deve estar claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucléico que codifica o polipeptídeo equivalente a RAA1 representado pela SEQ ID NO: 120, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um ácido nucléico que codifica o polipeptideo equivalente a RAA1 quando direcionado por um promotor constitutivo.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor de GOS2, preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz. Mais preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma sequência de ácido nucléico substancialmente similar à SEQ ID NO: 124, mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado pela SEQ ID NO: 124 ou SEQ ID NO: 211. De acordo com uma outra característica preferida da invenção, o promotor constitutivo é um promotor da Proteína de Mobilidade Rápida (HMGP), preferivelmente um promotor da HMGP do arroz, mais preferivelmente de modo substancial similar à SEQ ID NO: 125, mais preferivelmente idêntica à SEQ ID NO: 125. Ver a Tabela 2 na seção

"Definições" aqui contida para mais exemplos de promotores constitutivos.

Deve estar claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucléico que codifica o polipeptídeo SYR representado pela SEQ ID NO: 168, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo SYR quando direcionado por um promotor constitutivo.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor de GOS2, preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz. Mais preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma sequência de ácido nucléico substancialmente similar à SEQ ID NO: 172 ou SEQ ID NO: 211, mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado pela SEQ ID NO: 172 ou SEQ ID NO: 211. Ver a Tabela 2 na seção "Definições" aqui contida para mais exemplos de promotores constitutivos úteis.

Deve estar claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucléico que codifica o polipeptídeo ARKL representado pela SEQ ID NO: 212, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo ARKL quando direcionado por um promotor constitutivo, ou quando direcionado por um promotor específico de raiz.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor de GOS2, preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz. Mais preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma sequência de ácido nucléico substancialmente similar à SEQ ID NO: 406, mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado pela SEQ ID NO: 406 ou SEQ ID NO: 211. Ver a Tabela 2 na seção "Definições" aqui contida para mais exemplos de promotores constitutivos.

Deve estar claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucléico que codifica o polipeptídeo YTP representado pela SEQ ID NO: 1, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um

ácido nucléico que codifica o polipeptídeo YTP quando direcionado por um promotor constitutivo.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor de GOS2, preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz. Mais preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma sequência de ácido nucléico substancialmente similar à SEQ ID NO: 548, mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado pela SEQ ID NO: 548 ou SEQ ID NO: 211. Ver a Tabela 2 na seção "Definições" aqui contida para mais exemplos de promotores constitutivos.

Opcionalmente, uma ou mais sequências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Os elementos reguladores iniciais podem incluir aumentadores transcricionais assim como traducionais. Aqueles habilitados na técnica estarão cientes de sequências terminadoras e aumentadoras que podem ser adequadas para o uso na realização da invenção. Uma sequência de intron também pode ser adicionada à região não traduzida 5' (UTR) ou na sequência codificadora para aumentar a quantidade da mensagem madura que acumula no citosol, como descrito na seção definições. Outras sequências de controle (além do promotor, aumentador, silenciador, sequências de intron, regiões 3'UTR e/ou 5'UTR) podem ser elementos de estabilização de proteína e/ou RNA. Tais sequências seriam conhecidas ou podem ser facilmente obtidas por uma pessoa habilitada na técnica.

Opcionalmente, uma ou mais sequências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Preferivelmente, a construção compreende um cassete de expressão essencialmente similar ou idêntico à SEQ ID NO: 166, que compreende o promotor de GOS2, o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo equivalente a RAA1. Em uma forma de realização alternativa, a construção compreende um cassete de expressão essencialmente similar ou idêntica à SEQ ID NO: 167, que compreende o

promotor de HMGP, o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo equivalente a RAA1.

Opcionalmente, uma ou mais sequências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Preferivelmente, a construção compreende um cassete de expressão essencialmente similar ou idêntico à SEQ ID NO: 407, que compreende o promotor de GOS2, o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo Orysa-ARKL1 e a sequência terminadora de transcrição de T-zeína + T-rubisco.

Opcionalmente, uma ou mais sequências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Preferivelmente, a construção compreende um cassete de expressão essencialmente similar ou idêntica à SEQ ID NO: 549, que compreende o promotor de GOS2, o ácido nucléico que codifica o polipeptídeo YTP e a sequência terminadora de transcrição de T-zeína + T-rubisco.

Os elementos reguladores iniciais podem incluir realçadores transcricionais assim como traducionais. Aqueles habilitados na técnica estarão cientes de sequências terminadoras e realçadoras que podem ser adequadas para o uso na realização da invenção. Uma sequência de intron também pode ser adicionada à região 5' não traduzida (UTR) ou na sequência codificadora para aumentar a quantidade da mensagem madura que acumula no citosol, como descrito na seção de definições. Outras sequências de controle (além do promotor, realçador, silenciador, sequências de intron, regiões 3'UTR e/ou 5'UTR) podem ser proteína e/ou elementos estabilizadores de RNA. Tais sequências seriam conhecidas ou podem ser facilmente obtidas por uma pessoa habilitada na técnica.

As construções genéticas da invenção podem incluir ainda uma sequência de origem de replicação que é requerida para a manutenção e/ou replicação em um tipo de célula específico. Um exemplo é quando uma construção genética é requerida ser mantida em uma célula bacteriana como

um elemento genético epissômico (por exemplo, molécula de plasmídeo ou cosmídeo). As origens preferidas de replicação incluem, mas não são limitadas a fl-on e colEl.

Para a detecção da transferência bem sucedida das sequências de ácido nucléico como usadas nos métodos da invenção e/ou a seleção de plantas transgênicas que compreendem estas sequências de ácido nucléico, é vantajoso usar genes marcadores (ou genes repórter). Portanto, a construção genética pode opcionalmente compreender um gene marcador selecionável. Os marcadores selecionáveis são descritos em mais detalhes na seção "Definições" aqui contida.

Os genes marcadores podem ser removidos ou excisados da célula transgênica uma vez que elas não sejam mais necessárias. As técnicas para a remoção de marcador são conhecidas na técnica, as técnicas úteis são descritas acima na seção de definições.

É conhecido que na integração estável ou transitória das sequências de ácido nucléico em células vegetais, apenas uma minoria das células abosorve o DNA estranho e, se desejado, o integra dentro do seu genoma, dependendo do vetor de expressão usado e da técnica de transfecção usada. Para identificar e selecionar estes integrantes, um gene que codifica um marcador selecionável (tal como aqueles descritos acima) é usualmente introduzido nas células hospedeiras junto com o gene de interesse. Estes marcadores por exemplo podem ser usados em mutantes nos quais estes genes não são funcionais, por exemplo, pela deleção pelos métodos convencionais. Além disso, as molécules de sequência de ácido nucléico que codificam um marcador selecionável podem ser introduzidas em uma célula hospedeira no mesmo vetor que compreende a sequência que codifica os polipeptídeos da invenção ou usado nos métodos da invenção, ou ainda em um vetor separado. As células que foram estavelmente transfectadas com a sequência de ácido nucléico introduzida podem ser identificadas por exemplo pela seleção (por

exemplo, células que têm integrado o marcador selecionável sobrevivem ao passo que as outras células morrem). Os genes marcadores podem ser removidos ou excisados da célula transgênica uma vez que elas não são mais necessárias. As técnicas para a remoção de gene marcador são conhecidas no ramo, as técnicas úteis são descritas acima na seção de definições.

A invenção também fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle, que compreende a introdução e expressão em uma planta de qualquer sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui acima definido.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle, método este que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta, parte de planta, ou célula de planta uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF, sob o controle de promotor constitutivo de planta; e

(ii) cultivar a célula de planta, parte de planta ou planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

A sequência de ácido nucléico de (i) pode ser qualquer uma da sequências de ácido nucléico capaz de codificar um polipeptídeo GRF como aqui definido.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas aumentados, particularmente biomassa e/ou rendimento de semente aumentados, método este que compreende:

i) introduzir e expressar em uma planta ou célula de planta um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo equivalente a RAA1; e

ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

O ácido nucléico de (i) pode ser qualquer um dos ácidos nucléicos capazes de codificar um polipeptídeo equivalente a RAA1 como aqui definido.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas aumentados, rendimento (semente) particularmente aumentado e/ou biomassa aumentada, método este que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta ou célula de planta um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo SYR; e

(ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

O ácido nucléico de (i) pode ser qualquer um dos ácidos nucléicos capazes de codificar um polipeptídeo SYR como aqui definido.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas aumentados, particularmente rendimento (semente) aumentado, método este que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta ou célula de planta um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo ARKL; e

(ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

O ácido nucléico de (i) pode ser qualquer um dos ácidos nucléicos capazes de codificar um polipeptídeo ARKL como aqui definido.

Mais especificamente, a presente invenção fornece em uma forma de realização um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas aumentados, particularmente rendimento (semente) aumentado, método este que compreende:

i) introduzir e expressar em uma planta ou célula de planta um ácido nucléico que codifica o polipeptídeo YTP; e

ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

O ácido nucléico de (i) pode ser qualquer um dos ácidos nucléicos capazes de codificar um polipeptídeo YTP como aqui definido.

A sequência de ácido nucléico pode ser introduzida diretamente em uma célula de planta ou na própria planta (incluindo a introdução em um tecido, órgão ou qualquer outra parte de uma planta). De acordo com uma característica preferida da presente invenção, a sequência de ácido nucléico é preferivelmente introduzida em uma planta pela transformação. O termo "transformação" é descrito em mais detalhes na seção "Definições" aqui contida.

As células vegetais geneticamente modificadas podem ser regeneradas via todos os métodos com que o trabalhador habilitado está familiarizado. Os métodos adequados podem ser encontrados nas publicações supracitadas por S. D. Kung e R. Wu, Potrykus ou Höfgen e Willmitzer.

No geral depois da transformação, as células vegetais ou agrupamentos de célula são selecionadas quanto a presença de um ou mais marcadores que são codificados pelos genes expressáveis em planta co-transferidos com o gene de interesse, a seguir do que o material transformado é regenerado em uma planta integral. Para selecionar plantas transformadas, o material de planta obtido na transformação é, como uma regra, submetido às condições selecionativas de modo que as plantas transformadas possam ser

distinguidas das plantas não transformadas. Por exemplo, as sementes obtidas na maneira descrita acima podem ser plantadas e, depois de um período de crescimento inicial, submetidas a uma seleção adequada pela pulverização. Uma outra possibilidade consiste em cultivar as sementes, se apropriado depois da esterilização, em placas de ágar usando um agente de seleção adequado de modo que apenas as sementes transformadas possam crescer em plantas. Alternativamente, as plantas transformadas são triadas quanto a presença de um marcador selecionável tal como aqueles descritos acima.

A seguir da transferência de DNA e regeneração, as plantas putativamente transformadas também podem ser avaliadas, por exemplo usando a análise de Southern, quanto a presença do gene de interesse, número de cópia e/ou organização genômica. Alternativa ou adicionalmente, os níveis de expressão do DNA recém introduzido pode ser monitorado usando a análise de Northern e/ou Western, ambas as técnicas sendo bem conhecidas pelas pessoas tendo habilidade comum na técnica.

As plantas transformadas generadas podem ser propagadas por uma variedade de meios, tal como pela propagação clonal ou técnicas de procriação clássicas. Por exemplo, uma planta transformada da primeira geração (ou T1) pode ser auto-polinizada e os transformantes de segunda generação homozigotos (ou T2) selecionados, e as plantas T2 podem ser depois propagadas ainda através das técnicas de cruzamento clássicas. Os organismos transformados gerados podem tomar uma variedade de formas. Por exemplo, elas podem ser quimeras de células transformadas e células não transformadas; transformantes clonais (por exemplo, todas as células transformadas para conter o cassete de expressão); enxertos de tecidos transformados e não transformados (por exemplo, em plantas, um rizoma transformado enxertado a uma progênie não transformada).

A presente invenção claramente estende-se a qualquer célula de planta ou planta produzidas por qualquer um dos métodos aqui descritos, e

a todas as partes de plantas e seus propágulos. A presente invenção estende-se ainda para abranger a progênie de uma célula, tecido, órgão ou planta integral primários transformados ou transfectados que foram produzidos por qualquer um dos métodos supracitados, a única exigência sendo que a progênie exiba a(s) mesma(s) característica(s) genotípica(s) e/ou fenotípica(s) como aquelas produzidas pelo precursor nos métodos de acordo com a invenção.

A invenção também inclui células hospedeiras contendo uma sequência de ácido nucléico isolada que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente como aqui acima definido, operavelmente ligado a um promotor constitutivo de planta. As células hospedeiras preferidas de acordo com a invenção são células vegetais. As plantas hospedeiras para as sequências de ácido nucléico ou o vetor usado no método de acordo com a invenção, o cassete de expressão ou construção ou vetor são, em princípio, vantajosamente todas as plantas, que são capazes de sintetizar os polipeptídeos usados no método da invenção.

Os métodos da invenção são vantajosamente aplicáveis a qualquer planta. As plantas que são particularmente úteis nos métodos da invenção incluem todas as plantas, que pertencem à superfamília *Viridiplantae*, em particular plantas monocotiledôneas e dicotiledôneas incluindo forragem ou legumes forrageiros, plantas ornamentais, safras alimentícias, árvores ou arbustos. De acordo com uma forma de realização preferida da presente invenção, a planta é uma planta de safra. Os exemplos de plantas de safra incluem soja, girassol, canola, alfafa, colza, algodão, tomate, batata e tabaco. Mais preferivelmente, a planta é uma planta monocotiledônea. Os exemplos de plantas monocotiledôneas incluem cana de açúcar. Mais preferivelmente a planta é um cereal. Os exemplos de cereais incluem arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo, *emmer*,

spelt, secale, *einkorn*, *teff*, milo e aveia.

A invenção também estende-se ainda às partes colhíveis de uma planta que compreende uma sequência de ácido nucléico isolada que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente (como aqui acima definido) operavelmente ligada a um promotor constitutivo de planta, tal como, mas não limitadas a sementes, folhas, frutos, flores, hastes, rizomas, tubérculos e bulbos. A invenção além disso diz respeito aos produtos derivados, preferivelmente diretamente derivados, de uma parte colhível de um tal planta, tal como pelotas secas ou pós, óleo, gordura e ácidos graxos, amido ou proteínas.

De acordo com uma característica preferida da invenção, a expressão modulada é a expressão aumentada. Os métodos para aumentar a expressão de ácidos nucléicos ou genes, ou produtos de gene, são bem documentados na técnica e os exemplos são fornecidos na seção de definições.

Como acima mencionado, um método preferido para aumentar a expressão de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente é pela introdução e expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente; entretanto os efeitos de realizar o método, isto é, aumentar características relacionadas com o rendimento, também podem ser obtidos usando outras técnicas bem conhecidas, incluindo mas não limitadas a rotulação da ativação de T-DNA, TILLING, recombinação homóloga. Uma descrição destas

técnicas é fornecida na seção de definições.

A presente invenção também abrange em uma forma de realização o uso das sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeos GRF como aqui descritos e o uso destes polipeptídeos GRF no aumento de qualquer um dos traços supracitados relacionados com o rendimento em plantas, sob condições de cultivo normais, sob condições de cultivo de estresse abiótico (preferivelmente condições de cultivo em estresse osmótico), e sob condições de disponibilidade de nutriente reduzida, preferivelmente sob condições de disponibilidade de nitrogênio reduzida.

A presente invenção também abrange em uma forma de realização o uso de ácidos nucléicos que codificam polipeptídeos equivalentes a RAA1 como aqui descritos e uso destes polipeptídeos equivalentes a RAA1 no realce de qualquer um dos traços supracitados relacionados com o rendimento em plantas.

A presente invenção também abrange em uma forma de realização o uso de ácidos nucléicos que codificam polipeptídeos SYR como aqui descritos e o uso destes polipeptídeos SYR no realce de qualquer um dos traços supracitados relacionados com o rendimento em plantas quando cultivadas sob condições de estresse abiótico.

A presente invenção também abrange em uma forma de realização o uso de ácidos nucléicos que codificam os polipeptídeos ARKL como aqui descritos e o uso destes polipeptídeos ARKL no realce de qualquer um dos traços supracitados relacionados com o rendimento em plantas.

A presente invenção também abrange em uma forma de realização o uso de ácidos nucléicos que codificam os polipeptídeos YTP como aqui descritos e o uso destes polipeptídeos YTP no realce de qualquer um dos traços supracitados relacionados com o rendimento em plantas.

As sequências de ácido nucléico que codificam um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF,

polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente, aqui descritos, ou os próprios polipeptídeos da invenção, podem encontrar uso em programas de procriação em que um marcador de DNA é identificado que pode ser geneticamente ligado a um gene que codifica o polipeptídeo GRF. Os genes/sequências de ácido nucléico, ou o polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente, eles próprios podem ser usados para definir um marcador molecular. Este DNA ou marcador de proteína podem ser usados em programas de procriação para selecionar plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, como aqui acima definidos nos métodos da invenção.

As variantes alélicas de um gene/sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente também pode encontrar uso em programas de procriação assistida por marcador. Tais programas de cruzamento algumas vezes requerem a introdução de variação alélica pelo tratamento mutagênico das plantas, usando por exemplo a mutagênese EMS; alternativamente, o programa pode começar com uma coleção das variantes alélicas da chamada origem "natural" causada de modo não intencional. A identificação das variantes alélicas depois ocorre, por exemplo, pela PCR. Isto é seguido por uma etapa para a seleção de variantes alélicas superiores da sequência em dúvida e que dá características relacionadas com o rendimento aumentadas. A seleção é tipicamente realizada monitorando-se o desempenho de crescimento de plantas contendo variantes alélicas diferentes da sequência em dúvida. O desempenho de crescimento pode ser monitorado em uma estufa ou no campo. Outras etapas opcionais incluem cruzar plantas nas quais a variante alélica superior foi identificada com uma outra planta. Isto pode ser usado, por exemplo, para fabricar uma

combinação de características fenotípicas interessantes.

As sequências de ácido nucléico que codificam polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente também podem ser usadas como sondas para mapear genética e fiscamente os genes dos quais eles são uma parte, e como marcadores para traços ligados a aqueles genes. Tal informação pode ser útil na procriação de planta de modo a desenvolver linhagens com fenótipos desejados. Tal uso das sequências de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente requer apenas uma sequência de ácido nucléico de pelo menos 15 nucleotídeos no comprimento. A sequências de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente podem ser usadas como marcadores de polimorfimo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP). Southern blots (Sambrook J, Fritsch EF e Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de DNA genômico de planta digerido com restrição podem ser sondados com as sequências de ácido nucléico que codificam um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP respectivamente. Os padrões de formação de faixa resultantes podem ser depois submetidos às análises genéticas usando programas de computador tais como MapMaker (Lander *et al.* (1987) Genomics 1: 174-181) de modo a construir um mapa genético. Além disso, as sequências de ácido nucléico podem ser usadas para sondar Southern blots contendo DNAs genômicos tratados com endonuclease de restrição de um conjunto de indivíduos que representam precursor e

progênie de um cruzamento genético definido. A segregação dos polimorfismos de DNA é mencionada e usada para calcular a posição da sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF no mapa genético previamente obtido usando esta população (Botstein *et al.* (1980) Am. J. Hum. Genet. 32: 314-331).

A produção e o uso de sondas derivadas de gene vegetal para o uso no mapeamento genético é descrita em Bernatzky e Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicações descrevem o mapeamento genético de clones de cDNA específicos usando a metodologia esboçada acima ou variações destas. Por exemplo, populações de intercruzamentos F2, populações retrocruzadas, populações aleatoriamente acasaladas, linhagens quae isogênicas, e outros conjuntos de indivíduos podem ser usados para o mapeamento. Tais metodologias são bem conhecidas por aqueles habilitados na técnica.

As sondas de sequência de ácido nucléico também podem ser usadas para o mapeamento físico (isto é, colocação das sequências nos mapas físicos; ver Hoheisel *et al.* Em: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, e referências citadas neste).

Em uma outra forma de realização, as sondas de sequência de ácido nucléico podem ser usadas no mapeamento da hibridização pela fluorescência direta *in situ* (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7: 149-154). Embora métodos correntes de mapeamento FISH favoreçam o uso de clones grandes (diversos kb a diversas centenas de kb; ver Laan *et al.* (1995) Genome Res. 5: 13-20), melhoras na sensibilidade podem permitir o desempenho do mapeamento FISH usando sondas mais curtas.

Uma variedade de métodos com base na amplificação da sequência de ácido nucléico para os mapeamentos genético e físico pode ser realizada usando as sequências de ácido nucléico. Os exemplos incluem

amplificação específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11: 95-96), polimrfismos de fragmentos amplificados pela PCR (CAPS; Sheffield *et al.* (1993) Genomics 16: 325-332), ligação específica de alelo (Landegren *et al.* (1988) Science 241: 1077-1080), reações de extensão de nucleotídeo (Sokolov (1990) Nucleic Acid Sequence Res. 18: 3671), Radiations Hybrid Mapping (Walter *et al.* (1997) Nat. Genet. 7: 22-28) e Happy Mapping (Dear e Cook (1989) Nucleic Acid Sequence Res. 17: 6795-6807). Para estes métodos, a sequência de uma sequência de ácido nucléico é usada para planejar e produzir pares de iniciador para o uso na reação de amplificação ou em reações de extensão de iniciador. O planejamento de tais iniciadores é bem conhecido por aqueles habilitados na técnica. Em métodos que utilizam mapeamento genético com base na PCR, pode ser necessário identificar diferenças de sequência de DNA entre os precursores do cruzamento de mapeamento na região que corresponde à presente sequência de ácido nucléico. Isto, entretanto, no geral não é necessário para os métodos de mapeamento.

Os métodos de acordo com a presente invenção resultam em uma forma de realização em plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas, como aqui anteriormente descritos. Estes traços também podem ser combinados com outros traços economicamente vantajosos, tais como outros traços que aumentam o rendimento, tolerância aos estresses abióticos e bióticos, tolerância aos herbicidas, inseticidas, traços que modificam várias características arquiteturais e/ou características bioquímicas e/ou fisiológicas.

Os métodos de acordo com a presente invenção resultam em uma forma de realização em plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas, como aqui anteriormente descritos. Estes traços também podem ser combinados com outros traços economicamente vantajosos, tais como outros traços que realçam o rendimento, tolerância a

outros estresses abióticos e bióticos, traços que modificam várias características arquiteturais e/ou características bioquímicas e/ou fisiológicas.

Os métodos para o empilhamento de gene em plantas transgênicas são bem conhecidos na técnica (ver por exemplo, uma revisão por Halpin (2005) Plant Biotech J (3): 141-155. O empilhamento de gene pode se processar pelas etapas interativas, onde dois ou mais transgenes podem ser sequencialmente introduzidos em uma planta pelo cruzamento de uma planta contendo um transgene com indivíduos que abrigam outros transgenes ou, alternativamente, pela re-transformação (ou super-transformação) de uma planta contendo um transgene com novos genes. Uma limitação do procedimento iterativo é que os transgenes não são ligados e serão localizados em locais aleatórios diferentes no genoma vegetal. A consequência é que os dois locais podem segregar-se separadamente em gerações subsequentes, que tem consequências para os programas de procriação.

Alternativamente, o empilhamento de gene pode ocorrer via co-transformação, que é mais rápido e pode ser usado em uma faixa integral de técnicas de transformação. Quando do uso de transformação por *Agrobacterium* por exemplo, os transgenes (pelo menos dois) podem estar presentes em várias conformações:

(i) as sequências codificadoras são fundidas para formar um único polipeptídeo quando traduzido e colocado sob o controle de um único promotor;

(ii) as sequências codificadoras são sequencialmente colocadas a jusante de um único promotor, separadas pelos sinais de ácido nucléico que influenciam a síntese de mRNA (sítios de entrada de ribossoma interno IRES, sinais de *stuttering* 2A, etc.), ou síntese de polipeptídeo (poliproteínas separadas pelos sítios de substrato de protease, etc.);

(iii) as sequências codificadoras são independentemente

direcionadas pelos promotores separados, e as combinações de promotor-sequência codificadora estão localizadas dentro do mesmo T-DNA;

(iv) as sequências codificadoras são independentemente direcionadas pelos promotores separados, e as combinações de promotor-sequência codificadora estão localizadas em T-DNAs diferentes no mesmo plasmídeo;

(v) as sequências codificadoras são independentemente direcionadas pelos promotores separados, e as combinações de promotor-sequência codificadora estão localizadas em T-DNAs diferentes nos plasmídeos diferentes hhospedados na mesma ou em cepas de *Agrobacterium* separadas.

Em uma outra forma de realização, a presente invenção fornece um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF e modular a expressão na mesma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um segundo polipeptídeo.

Surpreendentemente, foi agora descoberto que a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF dá plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle. De acordo com uma primeira forma de realização, a presente invenção fornece um método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF.

Em uma forma de realização a invenção diz respeito à matéria objeto resumida como segue:

1. Um método para aumentar características relacionadas com

o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende a expressão crescente em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo do Fator Regulador do Crescimento (GRF), polipeptídeo GRF este que compreende; (i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e (ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116, e opcionalmente selecionar quanto as plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas.

2. Método de acordo com o item 1, em que o dito polipeptídeo GRF compreende: (i) um domínio QLQ com um acesso InterPro IPR014978 (acesso PFAM PF08880); (ii) um domínio WRC com um acesso InterPro IPRO14977 (acesso PFAM PF08879); e (iii) um domínio Efetor de Transcrição (ET) que compreende três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado (CX9CX10CX2H).

3. Método de acordo com os itens 1 ou 2, em que o dito polipeptídeo GRF tem em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade de sequência de aminoácido para o polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 ou a qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A aqui contida.

4. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF é representado por qualquer uma das sequências de ácido nucléico SEQ ID NOs dadas na Tabela A ou uma porção destas, ou uma sequência capaz de hibridizar com qualquer uma das sequências de ácido nucléico das SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

5. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

6. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita expressão aumentada é efetuada por qualquer uma ou mais de: rotulação da ativação de T-DNA, TILLING, ou recombinação homóloga.

7. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita expressão aumentada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF.

8. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito traço relacionado com o rendimento aumentado é um ou mais de: (i) vigor inicial aumentado; (ii) biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; ou (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW).

9. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico é operavelmente ligada a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor constitutivo de planta, mais preferivelmente a um promotor de GOS2, mais preferivelmente a um promotor de GOS2 do arroz como representado pela SEQ ID NO: 117.

10. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família *Brassicaceae*, mais preferivelmente de *Arabidopsis thaliana*.

11. Plantas, partes destas (incluindo sementes), ou células vegetais obteníveis por um método de acordo com qualquer item precedente,

em que a dita planta, parte ou célula desta compreende um transgene de ácido nucléico isolado que codifica um polipeptídeo GRF operavelmente ligado a um promotor constitutivo de planta.

12. Construção que compreende:

1. Uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como definido em qualquer um dos itens de 1 a 5;

2. uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

3. uma sequência de terminação de transcrição.

13. Construção de acordo com o item 12, em que a dita sequência de controle é um promotor constitutivo de planta, preferivelmente um promotor de GOS2, mais preferivelmente um promotor de GOS2 como representado pela SEQ ID NO: 117.

14. Uso de uma construção de acordo com os itens 12 ou 13 em um método para fabricar plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle, características relacionadas com o rendimento aumentadas estes que são um ou mais de: (i) vigor inicial aumentado; (ii) biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; ou (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW).

15. Planta, parte de planta ou célula de planta transformadas com uma construção de acordo com o item 12 ou 13.

16. Método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle, que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta, parte de planta, ou célula de planta, uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como definido em qualquer um dos itens de 1 a 5, sob o

controle de promotor constitutivo de planta; e

(ii) cultivar a célula de planta, parte de planta, ou planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

17. Planta transgênica tendo características relacionadas com o rendimento aumentadas em relação às plantas de controle, que resultam da expressão aumentada de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como definido em qualquer um dos itens de 1 a 5, operavelmente ligada a um promotor constitutivo de planta, ou uma célula de planta transgênica ou parte de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

18. Planta transgênica de acordo com os itens 11, 15 ou 17, em que a dita planta é uma planta de safra ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo e aveia, ou uma célula de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

19. Partes colhíveis que compreendem uma sequência de ácido nucléico isolada que codifica um polipeptídeo GRF de uma planta de acordo com o item 18, em que as ditas partes colhíveis são preferivelmente sementes.

20. Produtos derivados de uma planta de acordo com o item 18 e/ou de partes colhíveis de uma planta de acordo com o item 19.

21. Uso de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como definido em qualquer um dos itens de 1 a 5 no aumento de características relacionadas com o rendimento, que compreende um ou mais de: (i) vigor inicial aumentado; (ii) biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; ou (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW).

Em uma forma de realização a invenção diz respeito à matéria objeto resumida como segue:

22. Um método para realçar características relacionadas com o

rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1, em que o dito polipeptídeo equivalente a RAA1 compreende dois ou mais dois seguintes motivos:

(i) motivo 1: GVW(V/L)F (SEQ ID NO: 162),

(ii) motivo 2: LGW(E/S)RY(Y/F) (SEQ ID NO: 163),

(iii) motivo 3: (D/H)L(L/I)S(I/V/L)P(R/K/Um)(S/D)F (SEQ ID NO: 164),

(iv) motivo 4: (H/Y)(F/M)YD(V/I)VVK(N/T)(R/P) (SEQ ID NO: 165),

23. Método de acordo com o item 22, em que o dito polipeptídeo equivalente a RAA1 além disso tem um PM entre 10 e 21 KDa e um pI acima de 8,5.

24. Método de acordo com os itens 22 ou 23, em que a dita expressão modulada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1.

25. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 codifica qualquer um das proteínas listadas na Tabela A ou é uma porção de um tal ácido nucléico, ou um ácido nucléico capaz de hibridizar com um tal ácido nucléico.

26. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das proteínas dadas na Tabela A.

27. Método de acordo com qualquer item precedente, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas compreendem rendimento aumentado, preferivelmente biomassa aumentada e/ou rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

28. Método de acordo com qualquer um dos itens de 22 a 27,

em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas são obtidos sob condições não estressantes.

29. Método de acordo com qualquer um dos itens de 22 a 27, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas são obtidos sob condições de deficiência de nitrogênio.

30. Método de acordo com qualquer um dos itens de 24 a 29, em que o dito ácido nucléico é operavelmente ligado a um promotor constitutivo.

31. Método de acordo com o item 30, em que o dito promotor constitutivo é um promotor de GOS2 ou um promotor de HMGP, preferivelmente um promotor de GOS2 ou promotor de HMGP do arroz.

32. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo de RAA1 é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente do gênero *Oryza*, mais preferivelmente de *Oryza sativa*.

33. Planta ou parte desta, incluindo sementes, obteníveis por um método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita planta ou parte desta compreende um ácido nucléico recombinante que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1.

34. Construção que compreende:

(i) ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1;

(ii) uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(iii) uma sequência de terminação de transcrição.

35. Construção de acordo com o item 34, em que uma das ditas sequências de controle é um promotor constitutivo.

36. Construção de acordo com o item 35, em que o dito

promotor constitutivo é um promotor de GOS2 ou um promotor de HMGP, preferivelmente um promotor de GOS2 ou um promotor de HMGP do arroz.

37. Uso de uma construção de acordo com qualquer um dos itens de 34 a 36 em um método para fabricar plantas tendo rendimento aumentado, particularmente biomassa aumentada e/ou rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

38. Planta, parte de planta ou célula de planta transformadas com uma construção de acordo com qualquer um dos itens de 34 a 36.

39. Método para a produção de um planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente biomassa aumentada e/ou rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle, que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1; e

(ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

40. Planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente biomassa aumentada e/ou rendimento de semente aumentado, em relação às plantas de controle, que resultam da expressão modulada de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1, ou uma célula de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

41. Planta transgênica de acordo com os itens 33, 38 ou 39, ou uma célula de planta transgênica derivada desta, em que a dita planta é uma planta de safra ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo e aveia.

42. Partes colhíveis de uma planta de acordo com o item 41, em que as ditas partes colhíveis são preferivelmente biomassa de raiz e/ou sementes.

43. Produtos derivados de uma planta de acordo com o item 41 e/ou de partes colhíveis de uma planta de acordo com o 42.

44. Uso de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo equivalente a RAA1 no aumento do rendimento, particularmente no aumento do rendimento de semente e/ou biomassa de raiz em plantas, em relação às plantas de controle.

Em uma forma de realização a invenção diz respeito à matéria objeto resumida como segue:

45. Um método para aumentar a resistência ao estresse abiótico em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR, polipeptídeo SYR este que compreende um domínio rico em leucina, precedido pelo motivo de tripeptídeo conservado 5 (uma das SEQ ID NO: 173, 174, 175 ou 176)) e seguido pelo motivo conservado 6 (SEQ ID NO: 177), em que a dita resistência ao estresse abiótico aumentada é eficiência de captação de nutriente aumentada e/ou tolerância ao estresse de seca aumentada, em relação às plantas de controle.

46. Método de acordo com o item 45, em que o dito polipeptídeo SYR tem, em ordem crescente de preferência, pelo menos 27 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade de sequência com o polipeptídeo SYR representado pela SEQ ID NO: 169.

47. Método de acordo com os itens 45 ou 46, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR é representado por qualquer um dos ácidos nucléicos das SEQ ID NOs dadas na Tabela A ou uma porção destas, ou uma sequência capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucléicos das SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

48. Método de acordo com qualquer um dos itens de 45 a 47, em que a dita sequência de ácido nucléico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

49. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a

dita proteína SYR além disso compreende o motivo conservado 7 (SEQ ID NO: 178).

50. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita captação de nutriente eficiência resulta em rendimento de semente aumentado e/ou biomassa aumentada.

51. Método do item 50, em que o dito rendimento de semente aumentado compreende pelo menos peso total aumentado de sementes, Peso de Mil Grãos e/ou número de sementes cheias aumentado.

52. Método do item 50, em que a dita biomassa aumentada é biomassa de broto aumentada e/ou biomassa de raiz aumentada.

53. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita eficiência de captação de nutriente aumentada ocorre sob condições de seca branda.

54. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita tolerância ao estresse de seca aumentada resulta em rendimento de semente aumentado.

55. Método do item 54, em que o dito rendimento de semente aumentado compreende pelo menos o peso total de sementes, taxa de enchimento e/ou Índice de colheita aumentados.

56. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita expressão modulada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR.

57. Método de acordo com o item 56, em que o dito ácido nucléico é operavelmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor de GOS2.

58. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente do gênero *Oryza*, mais preferivelmente

de *Oryza sativa*.

59. Uso de uma construção em um método para fabricar plantas tendo resistência ao estresse abiótico aumentada, a dita construção compreendendo

(a) o ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR como definido em qualquer um dos itens de 45 a 49;

(b) uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(c) uma sequência de terminação de transcrição,

e em que uma das ditas sequências de controle é um promotor constitutivo, preferivelmente um promotor de GOS2 e em que a dita resistência ao estresse abiótico aumentada é a eficiência de captação de nutriente aumentada e/ou tolerância ao estresse de seca aumentada, em relação às plantas de controle.

60. Uso de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo SYR em um método para aumentar a resistência ao estresse abiótico em plantas em relação às plantas de controle, em que a dita resistência ao estresse abiótico aumentada é a eficiência de captação de nutriente aumentada e/ou a tolerância ao estresse de seca aumentada, em relação às plantas de controle.

61. Uso de acordo com o item 60, em que a dita eficiência de captação de nutriente aumentada resulta em rendimento de semente aumentado e/ou biomassa aumentada.

62. Uso de acordo com o item 60, em que a dita tolerância ao estresse de seca aumentada resulta em rendimento de semente aumentado.

Em uma forma de realização a invenção diz respeito à matéria objeto resumida como segue:

63. Um método para realçar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um

polipeptídeo ARKL.

64. Método de acordo com o item 63, em que o dito polipeptídeo ARKL compreende um ou mais dos seguintes domínios:

(i) Um domínio ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 400 ou um domínio tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade de sequência a um ou mais dos domínios ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 95 à SEQ ID NO. 351; e

(ii) Um domínio DAR1 tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade de sequência a um ou mais dos domínios PfamB2828 como representado pela SEQ ID NO: 352 à SEQ ID NO. 398.

65. Método de acordo com o item 63 e 64, em que o dito polipeptídeo ARKL compreende um ou mais dos seguintes:

(i) Um domínio ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 401;

(ii) Um Motivo 8 como representado pela SEQ ID NO: 399;

66. Método de acordo com o item 63 a 65, em que a dita expressão modulada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL.

67. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL codifica qualquer uma das proteínas listadas na Tabela A ou é uma porção de um tal ácido nucléico, ou um ácido nucléico capaz de hibridizar com um tal ácido nucléico.

68. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das proteínas dadas na Tabela A.

69. Método de acordo com qualquer item precedente, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas

compreendem rendimento aumentado, preferivelmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

70. Método de acordo com o item precedente, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas são obtidos sob condições não estressantes.

71. Método de acordo com o item precedente, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas são obtidos sob condições de estresse pela seca.

72. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico é operavelmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor de GOS2, mais preferivelmente a um promotor de GOS2 do arroz.

73. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente do gênero *Oryza*, mais preferivelmente de *Oryza sativa*.

74. Planta ou parte desta, incluindo sementes, obteníveis por um método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita planta ou parte desta compreende um ácido nucléico recombinante que codifica um polipeptídeo ARKL.

75. Construção que compreende:

(i) ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL como definido nos itens 63 a 65;

(ii) uma ou mais sequências de controle capaz de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(iii) uma sequência de terminação de transcrição.

76. Construção de acordo com o item 75, em que uma das ditas sequências de controle é um promotor constitutivo, preferivelmente um

promotor de GOS2, mais preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz.

77. Uso de uma construção de acordo com os itens 75 ou 76 em um método para fabricar plantas tendo características relacionadas com o rendimento realçadas preferivelmente rendimento aumentado, mais preferivelmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

78. Planta, parte de planta ou célula de planta transformadas com uma construção de acordo com os itens 75 ou 76.

79. Método para a produção de uma planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle, que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL como definido nos itens de 63 a 65; e

(ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

80. Planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de semente aumentado, em relação às plantas de controle, que resultam da expressão aumentada de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL como definido nos itens de 63 a 65, ou um célula de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

81. Planta transgênica de acordo com o item 74, 78 ou 80, ou uma célula de planta transgênica derivada deste, em que a dita planta é uma planta de safra ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo e aveia.

82. Partes colhíveis de uma planta de acordo com o item 81, em que as ditas partes colhíveis são preferivelmente biomassa de raiz e/ou sementes.

83. Produtos derivados de uma planta de acordo com o item 81 e/ou de partes colhíveis de uma planta de acordo com o item 82.

84. Uso de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo ARKL que realça características relacionadas com o rendimento preferivelmente rendimento aumentado, mais preferivelmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

Em uma forma de realização a invenção diz respeito à matéria objeto resumida como segue:

85. Um método para melhorar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, que compreende modular a expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP que compreende

(i) pelo menos um domínio de transmembrana e

(ii) pelo menos uma porção de um domínio DUF221

86. Método de acordo com o item 85, em que a dita porção tem em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, ou 100 % de identidade de sequência qualquer um dos domínios representados pela SEQ ID NO: 518 à SEQ ID NO: 544.

87. Método de acordo com os itens 85 ou 86, em que o dito ácido nucléico codifica um polipeptídeo YTP tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % ou 100 % de identidade de sequência de aminoácidos com qualquer um dos polipeptídeos da Tabela A.

88. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito polipeptídeo YTP compreende ainda o Motivo 9 (SEQ ID NO: 545).

89. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita expressão modulada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP.

90. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP codifica qualquer uma

das proteínas listadas na Tabela A ou é uma porção de um tal ácido nucléico, ou um ácido nucléico capaz de hibridizar com um tal ácido nucléico.

91. Método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita sequência de ácido nucléico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das proteínas dadas na Tabela A ou é uma porção de um tal ácido nucléico, ou um ácido nucléico capaz de hibridizar com um tal ácido nucléico.

92. Método de acordo com qualquer item precedente, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas compreendem rendimento aumentado, preferivelmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

93. Método de acordo com qualquer um dos itens de 85 a 92, em que as ditas características relacionadas com o rendimento realçadas são obtidos sob condições não estressantes.

94. Método de acordo com qualquer um dos itens de 89 a 93, em que o dito ácido nucléico é operavelmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor de GOS2, mais preferivelmente a um promotor de GOS2 do arroz.

95. Método de acordo com qualquer item precedente, em que o dito ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente do gênero *Oryza*, mais preferivelmente de *Oryza sativa*.

96. Planta ou parte desta, incluindo sementes, obteníveis por um método de acordo com qualquer item precedente, em que a dita planta ou parte desta compreende um ácido nucléico recombinante que codifica um polipeptídeo YTP.

97. Construção que compreende:

(i) ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP como

definido nos itens de 85 a 88

(ii) uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucléico de (a); e opcionalmente

(iii) uma sequência de terminação de transcrição.

98. Construção de acordo com o item 97, em que uma das ditas sequências de controle é um promotor constitutivo, preferivelmente um promotor de GOS2, mais preferivelmente um promotor de GOS2 do arroz.

99. Uso de uma construção de acordo com os itens 97 ou 98 em um método para fabricar plantas tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle.

100. Planta, parte de planta ou célula de planta transformadas com uma construção de acordo com os itens 97 ou 98.

101. Método para a produção de uma planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de semente aumentado em relação às plantas de controle, que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP como definido nos itens de 85 a 88; e

(ii) cultivar a célula de planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

102. Planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de semente aumentado, em relação às plantas de controle, que resultam da expressão modulada de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo de YTP como definido nos itens de 85 a 88 ou uma célula de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

103. Planta transgênica de acordo com os itens 96, 100 ou 102, ou uma célula de planta transgênica derivada desta, em que a dita planta é uma planta de safra ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo e aveia.

104. Partes colhíveis de uma planta de acordo com o item 103, em que as ditas partes colhíveis são preferivelmente biomass de broto e/ou sementes.

105. Produtos derivados de uma planta de acordo com o item 103 e/ou de partes colhíveis de uma planta de acordo com 104.

106. Uso de um ácido nucléico que codifica um polipeptídeo YTP no aumento do rendimento, particularmente no aumento do rendimento de semente e/ou biomassa de broto em plantas, em relação às plantas de controle.

Descrição das figuras

A presente invenção agora será descrita com referência às seguintes figuras em que:

A Figura 1 representa um desenho de um polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2, que compreende as seguintes características: (i) um domínio QLQ com um acesso InterPro IPR014978 (acesso PFAM PF08880); (ii) um domínio WRC com um acesso InterPro IPR014977 (acesso PFAM PF08879); e (iii) um domínio Efetor de Transcrição (ET) que compreende três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado ($CX_9CX_{10}CX_2H$), localizado no domínio WRC.

A Figura 2 mostra um alinhamento de sequência múltipla AlignX (a partir do Vetor NTI 10.3, Invitrogen Corporation) do domínio QLQ dosof polipeptídeos GRF da Tabela A (como representado pela SEQ ID NO: 115 para a SEQ ID NO: 2). Os resíduos de aminoácido QLQ conservados estão localizados no topo do alinhamento múltiplo. Dois outros resíduos muito conservados (em caixas eem preto) são E (Glu) e P (Pro).

A Figura 3 mostra um alinhamento de sequencia múltipla AlignX (a partir do Vetor NTI 10,3, Invitrogen Corporation) do domínio WRC dos polipeptídeos GRF da Tabela A (como representado pela SEQ ID NO: 116 para a SEQ ID NO: 2). Os resíduos de aminoácido WRC

conservados estão em negrito na sequência de consenso. Os três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado ($CX_9CX_{10}CX_2H$), designado como o domínio Efetor de Transcrição (ET), estão em caixas verticamente através do alinhamento, e também identificado no fundo do alinhamento. O sinal de localização nuclear putativo (NLS) compreendido no domínio WRC, é duplamente sublinhado.

A Figura 4 mostra o vetor binário para a expressão aumentada em *Oryza sativa* de uma sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF sob o controle de um promotor de GOS2 (pGOS2) do arroz.

A Figura 5 detalha exemplos das sequências úteis na realização dos métodos de acordo com a presente invenção.

A Fig. 6 representa a sequência de uma proteína equivalente a RAA1 do arroz (SEQ ID NO: 121) com as sequências de assinaturas conservadas indicadas em negrito sublinhado.

A Fig. 7 mostra um alinhamento múltiplo de várias proteínas equivalentes a RAA1. NP-001046787 corresponde a QOE1D7, NP-001052368 corresponde a QOJEF5, AAR97604 corresponde a Q6RIBO, NP-001042631 corresponde a Q9LGE3, NP-001045304 corresponde a Q8LR63, NP-974763 corresponde a Q9LXB5, NP-197868 corresponde a 023624, NP-194866 corresponde a Q5QOB3, NP-001060595 corresponde a Q8H475.

A Fig. 8 mostra uma árvore filogenética de polipeptídeos equivalentes a RAA1 (Ge *et al.*, 2004). OsRAA1 corresponde à SEQ ID NO: 121.

A Fig. 9 representa o vetor binário para a expressão aumentada em *Oryza sativa* de um RAA1-likeque codifica ácido nucléico sob o controle de um arroz promotor de GOS2 (pGOS2).

A Fig. 10 detalha exemplos das sequências úteis na realização dos métodos de acordo com a presente invenção.

A Fig. 11 dá um visão geral dos motivos conservados presentes na SEQ ID NO: 169. O domínio rico em leucina está sublinhado, os motivos conservados 5, 6 e 7 são indicados em negrito e a sequência em itálicos representa o sítio de N-glicosilação putativo com o sítio de fosforilação da cinase C de proteína putativo.

A Fig. 12 mostra um alinhamento múltiplo de várias proteínas SYR. Os asteriscos indicam resíduos de aminoácido idênticos, os dois pontos representam substituições altamente conservadas e os pontos representam substituições menos conservadas. Com a informação da Figura 11, os vários domínios e motivos conservados na SEQ ID NO: 171 podem ser facilmente identificados nas outras proteínas SYR.

A Fig. 13 mostra o vetor binário pGOS2::SYR para a transformação e expressão em *Oryza sativa* de um ácido nucléico SYR de *Oryza sativa* sob o controle de um promotor de GOS2 do arroz.

A Fig. 14 detalha exemplos das sequências úteis na realização dos métodos de acordo com a presente invenção, ou úteis na isolação de tais sequências. As sequências podem resultar de montagens de EST públicas, com sequenciamento de menor qualidade. Como uma consequência, umas poucas substituições de ácido nucléico podem ser esperadas. As UTRs tanto 5' quanto 3' também podem ser usadas para a realização dos métodos da invenção. A SEQ ID NO: 193 representa a sequência de proteína ARGOS (acesso do GenBank AY305869).

A Fig. 15 representa a sequência de aminoácido da SEQ ID NO: 213. Os domínios conservados pfamB2828 e ZfC3H2C3 (pfam00097) são salientados em negrito e caracteres sublinhados respectivamente. O Motivo 8 altamente conservado é indicado por uma linha pontilhada sublinhada. Os resíduos de aminoácido mais altamente conservados nos polipeptídeos ARKL estão em caixas. As posições de ligando metálico de amino conservados (números) e pares de aminoácido que coordenam zinco

(Zn^{2+}) são ilustrados.

A Fig. 16 representa um alinhamento múltiplo de polipeptídeos ARKL selecionados. Os resíduos de aminoácido altamente conservados são indicados na sequência de consenso. Como mostrado na Figura, a sequência do terminal C dos polipeptídeos ARKL é mais altamente conservada do que a do terminal N.

A Fig. 17 mostra uma árvore filogenética dos polipeptídeos ARKL com base em um alinhamento do domínio de dedo de RING (pfam00097) compreendido nos polipeptídeos ARKL como representados pelas SEQ ID NOs: 306 a 314, 316 a 318, 322, 323, 402 (a SEQ ID NO: 402 compreende o domínio pfam00097 (dedo de zinco RING) presente no polipeptídeo Akadia de *Mus musculus* e a SEQ ID NO: 403 representa o domínio pfam00097 como presente no polipeptídeo Goliath de *Mus musculus*. As abreviações usadas: Os: *Oryza sativa* (Orysa); Hv: *Hordeum vulgare* (Horvu); Gm: *Glicina max* (Glyma); Zm: *Zea mays* (Zeama); Musmu: *Mus musculus*.

A Fig. 18 representa o vetor binário para a expressão aumentada de ácido nucléico de OS-ARKL1 como representado pela SEQ ID NO: 212 sob o controle de um promotor de GOS2 do arroz (pGOS2).

A Fig. 19 detalha exemplos das sequências úteis na realização dos métodos de acordo com a presente invenção.

A Fig. 20 representa a sequência de YTP1 (SEQ ID NO: 409). Os domínios de transmembrana estão em caixas. Uma parte de um domínio DUF221 de 124 resíduos de aminoácido é salientada em negrito. O motivo 8 é sublinhado. Os resíduos invariáveis no Motivo 8 são indicados com um tipo de letra de tamanhoo maior. A primeira e terceira alças são prognosticadas estar localizadas no lado de fora da membrana; a segunda alça dentro.

A Fig. 21 mostra a árvore filogenética de uma selecção dos polipeptídeos YTP.

A Fig. 22 representa alinhamento múltiplo de polipeptídeos YTP selecionados. Uma sequência de consenso como representada pela SEQ ID NO: 544 é dada. Os resíduos de aminoácido conservados são indicados na sequência de consenso; os brancos representam as regiões de baixa conservação.

A Fig. 23 representa o vetor binário para a expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucléico que codifica YTP1 sob o controle de um promotor de GOS2 do arroz (pGOS2).

A Fig. 24 detalha exemplos da sequências úteis na realização dos métodos de acordo com a presente invenção.

Exemplos

A presente invenção agora será descrita com referência aos seguintes exemplos, que são apenas por via de ilustração. Os exemplos que seguem não são intencionados a definir completamente ou de outro modo limitar o escopo da invenção.

Manipulação de DNA: a menos que de outro modo estabelecido, as técnicas de DNA são recombinantes realizadas de acordo com os protocolos padrão descritos em (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edição Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, nova Iorque) ou nos Volumes 1 e 2 de Ausubel *et al.* (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Os materiais e métodos padrão para o trabalho molecular em planta são descritos em Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R. D. D. Croy, publicado pela BIOS Scientific Publication Ltd (UK) e Blackwell Scientific Publications (UK).

Exemplo 1: Identificação das sequências relacionadas com a sequência de ácido nucléico usada nos métodos da invenção

As sequências (cDNA de tamanho natural, ESTs ou genômico) relacionadas com a sequência de ácido nucléico usadas nos métodos da presente invenção foram identificadas entre aquelas mantidas no Entrez

Nucleotides database no National Center for Biotechnology Information (NCBI) usando as ferramentas de pesquisa de sequência de base de dados, tais como o Basic Local Alignment Tool (BLAST) (Altschul *et al.* (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-410; e Altschul *et al.* (1997) Nucleic Acids Res. 25: 3389-3402). O programa é usado para encontrar regiões de similaridade local entre as sequências pela comparação da sequência de ácido nucléico ou sequências de polipeptídeo com as bases de dados de sequência e calculando-se a significância estatística de emparelhamentos. Por exemplo, o polipeptídeo codificado pela sequência de ácido nucléico da presente invenção foi usado para o algoritmo TBLASTN, com ajustes de default e o filtro para ignorar sequências de baixa complexidade *set off*. A saída da análise foi visualizada pela comparação aos pares, e classificada de acordo com a contagem de probabilidade (valor E), onde a contagem reflete a probabilidade de que um alinhamento particular ocorre ao acaso (quanto mais baixo o valor E, mais significante o acerto). Além dos valores E, comparações foram também classificadas pela identidade percentual. A identidade percentual refere-se ao número de nucleotídeos idênticos (ou aminoácidos) entre as duas sequências de ácido nucléico (ou polipeptídeo) comparadas em um comprimento particular. Em alguns casos, os parâmetros de default podem ser ajustados para modificar a severidade da pesquisa. Por exemplo o valor E pode ser aumentado para mostrar emparelhamentos menos severos. Deste modo, emparelhamentos curtos quase exatos podem ser identificados.

A Tabela A fornece uma lista das sequências de ácido nucléico relacionadas com a sequência de ácido nucléico usada nos métodos da presente invenção.

Tabela A1: Exemplos de sequências de polipeptídeo GRF, e sequências de ácido nucléico codificadoras:

NOME	Organismo Fonte	Ácido nucléico SEQ ID NO:	Polipeptídeo SEQ ID NO	Acesso na Base de Dados
Arath_GRF_AGG13960.1	*Arabidopsis thaliana*	1	2	AT3G13960.1
Arath_GRF_AG06200.1	*Arabidopsis thaliana*	3	4	AG06200.1

NOME	Organismo Fonte	Ácido nucléico SEQ ID NO:	Polipeptídeo SEQ ID NO	Acesso na Base de Dados
Arath_GRF_At2G22840.1	*Arabidopsis thaliana*	5	6	At2G22840.1
Arath_GRF_At2G36400.1	*Arabidopsis thaliana*	7	8	At2G36400.1
Arath_GRF_At2G45480.1	*Arabidopsis thaliana*	9	10	At2G45480.1
Arath_GRF_At3G52910.1	*Arabidopsis thaliana*	11	12	At3G52910.1
Arath_GRF_At4G24150.1	*Arabidopsis thaliana*	13	14	At4G24150.1
Arath_GRF_At4G37740.1	*Arabidopsis thaliana*	15	16	At4G37740.1
Arath_GRF_At5G53660.1	*Arabidopsis thaliana*	17	18	At5G53660.1
Aqufo_GRF	*Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens*	19	20	DT756681.1 DR946716.1
Brana_GRF	*Brassica napus*	21	22	CN730217.1 ES922527
Horvu_GRF	*Hordeum vulgare*	23	24	AK250947.1
Lyces_GRF	*Lycopersicon esculentum*	25	26	BT013977.1
Medtr_GRF	*Medicago truncatula*	27	28	AC144645.17
Medtr_GRF like	*Medicago truncatula*	29	30	AC174350.4
Orysa_GRF_Os02g47280.2	*Oryza sativa*	31	32	Os02g47280.2
Orysa_GRF_Os02g53690.1	*Oryza sativa*	33	34	Os02g53690.1
Orysa_GRF_Os03g51970.1	*Oryza sativa*	35	36	Os03g51970.1
Orysa_GRF_Os04g48510.1	*Oryza sativa*	37	38	Os04g48510.1
Orysa_GRF_Os04g51190.1	*Oryza sativa*	39	40	Os04g51190.1
Orysa_GRF_Os06g02560.1	*Oryza sativa*	41	42	Os06g02560.1
Orysa_GRF_Os11g35030.1	*Oryza sativa*	43	44	Os11g35030.1
Orysa_GRF_Os12g29980.1	*Oryza sativa*	45	46	Os12g29980.1
Orysa_GRF_Os03g47140.1	*Oryza sativa*	47	48	Os03g47140.1
Orysa_GRF_gi_115447910_ref_NM_001054270.1	*Oryza sativa*	49	50	NM_001054270.1
Orysa_GRF_gi_115460325_ref_NM_001060298.1	*Oryza sativa*	51	52	NM_001060298.1
Orysa_GRF_gi_115471984_ref_NM_001066126.1	*Oryza sativa*	53	54	NM_001066126.1
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.39	*Populus tremuloides*	55	56	lcl_scaff_XIV.39
Poptr_GRF_lcl_scaff_II.1070	*Populus tremuloides*	57	58	lcl_scaff_II.1070
Poptr_GRF_lcl_scaff_I.1018	*Populus tremuloides*	59	60	lcl_scaff_I.1018
Poptr_GRF_lcl_scaff_28.10	*Populus tremuloides*	61	62	lcl_scaff_28.10
Poptr_GRF_lcl_scaff_I.995	*Populus tremuloides*	63	64	lcl_scaff_I.995
Poptr_GRF_lcl_scaff_III.741	*Populus tremuloides*	65	66	lcl_scaff_III.741
Poptr_GRF_lcl_scaff_VII.1274	*Populus tremuloides*	67	68	lcl_scaff_VII.1274
Poptr_GRF_lcl_scaff_XII.277	*Populus tremuloides*	69	70	lcl_scaff_XII.277
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIII.769	*Populus tremuloides*	71	72	lcl_scaff_XIII.769
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.174	*Populus tremuloides*	73	74	lcl_scaff_XIV.174
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.51	*Populus tremuloides*	75	76	lcl_scaff_XIV.51

NOME	Organismo Fonte	Ácido nucléico SEQ ID NO:	Polipeptídeo SEQ ID NO	Acesso na Base de Dados
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIX.480	*Populus tremuloides*	77	78	lcl_scaff_XIX.480
Poptr_GRF_lcl_scaff_28.309	*Populus tremuloides*	79	80	lcl_scaff_28.309
Poptr_GRF_lcl_scaff_1.688	*Populus tremuloides*	81	82	lcl_scaff_1.688
Sacof_GRF	*Saccharum officinarum*	83	84	CA084837.1 CA238919.1 CA122516.1
Vitvi_GRF	*Vitis vinifera*	85	86	AM468035
Zeama_GRF10_gi_146008494_gb_EF515849.1	*Zea mays*	87	88	EF515849.1
Zeama_GRF11_gi_146008515_gb_EF515850.1	*Zea mays*	89	90	EF515850.1
Zeama_GRF12_gi_146008534_gb_EF515851.1	*Zea mays*	91	92	EF515851.1
Zeama_GRF13_gi_146008539_gb_EF515852.1	*Zea mays*	93	94	EF515852.1
Zeama_GRF14_gi_146008560_gb_EF515853.1	*Zea mays*	95	96	EF515853.1
Zeama_GRF1_gi_146008330_gb_EF515840.1	*Zea mays*	97	98	EF515840.1
Zeama_GRF2_gi_146008352_gb_EF515841.1	*Zea mays*	99	100	EF515841.1
Zeama_GRF3_gi_146008368_gb_EF515842.1	*Zea mays*	101	102	EF515842.1
Zeama_GRF4_gi_146008393_gb_EF515843.1	*Zea mays*	103	104	EF515843.1
Zeama_GRF5_gi_146008412_gb_EF515844.1	*Zea mays*	105	106	EF515844.1
Zeama_GRF6_gi_146008429_gb_EF515845.1	*Zea mays*	107	108	EF515845.1
Zeama_GRF7_gi_146008440_gb_EF515846.1	*Zea mays*	109	110	EF515846.1
Zeama_GRF8_gi_146008461_gb_EF515847.1	*Zea mays*	111	112	EF515847.1
Zeama_GRF9_gi_146008475_gb_EF515848.1	*Zea mays*	113	114	EF515848.1

Tabela A2: Exemplos de polipeptídeos equivalentes a RAA1:

Fonte Vegetal	Ácido nucléico SEQ ID NO	Proteína SEQ ID NO
Q9LGE3	SEQ ID NO: 120	SEQ ID NO: 121
Q8H475	SEQ ID NO: 126	SEQ ID NO: 127
A3BNA1	SEQ ID NO: 128	SEQ ID NO: 129
O23624	SEQ ID NO: 130	SEQ ID NO: 131
Q8LR63	SEQ ID NO: 132	SEQ ID NO: 133
Q9LXB5	SEQ ID NO: 134	SEQ ID NO: 135
Q5Q0B3	SEQ ID NO: 136	SEQ ID NO: 137
Q7XX25	SEQ ID NO: 138	SEQ ID NO: 139
A2WN18	SEQ ID NO: 140	SEQ ID NO: 141
O24340	SEQ ID NO: 142	SEQ ID NO: 143
A2X4J6	SEQ ID NO: 144	SEQ ID NO: 145
Q0E1D7	SEQ ID NO: 146	SEQ ID NO: 147
O49587	SEQ ID NO: 148	SEQ ID NO: 149
A2XRE0	SEQ ID NO: 150	SEQ ID NO: 151
Q6RIB0	SEQ ID NO: 152	SEQ ID NO: 153
Q9LXB6	SEQ ID NO: 154	SEQ ID NO: 155
Q0JEF5	SEQ ID NO: 156	SEQ ID NO: 157
NP1050091	SEQ ID NO: 158	SEQ ID NO: 159
A5BZJ2	SEQ ID NO: 160	SEQ ID NO: 161

Além das sequências de ácido nucléico publicamente disponíveis, disponíveis na NCBI, as bases de dados de sequência patenteeadas também são pesquisadas seguindo o mesmo procedimento como aqui descrito acima.

A Tabela A3 fornece uma lista de sequências de ácido nucléico e proteína relacionadas com a sequência de ácido nucléico como representada pela SEQ ID NO: 168 e a sequência de proteína representada pela SEQ ID NO: 169.

Tabela A3: Sequências de ácido nucléico relacionadas com a sequência de ácido nucléico (SEQ ID NO: 168) úteis nos métodos da presente invenção, e os polipeptídeos deduzidos correspondentes.

Nome	Organismo Fonte	Polipeptídeo SEQ ID NO:	Ácido nucléico SEQ ID NO:	Número do acesso na base de dados	Situação
OsSYR	*Oryza sativa*	169	168	/	Tamanho natural ou parcial
rice SYR homólogo 1	*Oryza sativa*	179	194	XP_472637	Tamanho natural
rice SYR homólogo 2	*Oryza sativa*	180		AP008218	Tamanho natural
corn SYR homólogo	*Zea mays*	181	195	AY110705	parcial
wheat SYR homólogo	*Triticum aestivum*	182		/	Tamanho natural
barley SYR homólogo	*Hordeum vulgare*	183	203	CB871444	Tamanho natural
sugar cane SYR homólogo 1	*Saccharum officinarum*	184	204	CA165713	parcial
sugar cane SYR homólogo 2	*Saccharum officinarum*	185	205	CA242805	Tamanho natural
sorghum SYR homólogo	*Sorghum bicolor*	186	206	CX611532	Tamanho natural
AtSYR homólogo 1	*Arabidopsis thaliana*	187	207	NM_115853	Tamanho natural
AtSYR homólogo 2	*Arabidopsis thaliana*	188	208	NM_180078	Tamanho natural
grape SYR homólogo	*Vitis vinifera*	189	196	CF404276	Tamanho natural
Citrus SYR homólogo	*Citrus reticulata*	190	197	CF830612	parcial
tomato SYR homólogo 1	*Lycopersicon esculentum*	191	199	AI774360	Tamanho natural
tomato SYR homólogo 2	*Lycopersicon esculentum*	192	198	BG125370	Tamanho natural
Argos	*Arabidopsis thaliana*	193	209	AY305869	Tamanho natural

Tabela A4: Exemplos de ácidos nucléicos ARKL e os polipeptídeos respectivamente codificados.

Descrição*	Fonte vegetal	Ácido nucléico SEQ ID NO	Proteína SEQ ID NO:
Orysa_ARKL1	*Oryza sativa*	212	213
Orysa_ARKL2	*Oryza sativa*	214	215
Orysa_ARKL3	*Oryza sativa*	216	217
Orysa_ARKL4	*Oryza sativa*	218	219
Orysa_ARKL5	*Oryza sativa*	220	221
Orysa_ARKL6	*Oryza sativa*	222	223
Orysa_ARKL7	*Oryza sativa*	224	225
Orysa_ARKL8	*Oryza sativa*	226	227
Orysa_ARKL9	*Oryza sativa*	228	229
Zeama_ARKL1	*Zea mays*	230	231
Zeama_ARKL2	*Zea mays*	232	233
Horvu_ARKL1	*Hordeum vulgare*	234	235
Horvu_ARKL2	*Hordeum vulgare*	236	237
Horvu_ARKL3	*Hordeum vulgare*	238	239
Lyces_ARKL1	*Lycopersicum esculentum*	240	241
Lyces_ARKL2	*Lycopersicum esculentum*	242	243
Lyces_ARKL3	*Lycopersicum esculentum*	244	245
Glyma_ARKL1	*Glycine max*	246	247
Glyma_ARKL2	*Glycine max*	248	249
Zinel_ARKL1	*Zinnia elegans*	250	251
Lotja_ARKL1	*Lotus japonicus*	252	253
Arath_ARKL1	*Arabidopsis thaliana*	254	255
Arath_ARKL2	*Arabidopsis thaliana*	256	257
Arath_ARKL3	*Arabidopsis thaliana*	258	259
Arath_ARKL4	*Arabidopsis thaliana*	260	261
Arath_ARKL5	*Arabidopsis thaliana*	262	263
Arath_ARKL6	*Arabidopsis thaliana*	264	265
Arath_ARKL7	*Arabidopsis thaliana*	266	267
Arath_ARKL8	*Arabidopsis thaliana*	268	269
Arath_ARKL9	*Arabidopsis thaliana*	270	271
Arath_ARKL10	*Arabidopsis thaliana*	272	273
Arath_ARKL11	*Arabidopsis thaliana*	274	275
Arath_ARKL12	*Arabidopsis thaliana*	276	277
Poptr_ARKL1	*Populus trichocarpa*	278	279
Poptr_ARKL2	*Populus trichocarpa*	280	281
Poptr_ARKL3	*Populus trichocarpa*	282	283
Poptr_ARKL4	*Populus trichocarpa*	284	285
Poptr_ARKL5	*Populus trichocarpa*	286	287
Poptr_ARKL6	*Populus trichocarpa*	288	289
Poptr_ARKL7	*Populus trichocarpa*	290	291
Poptr_ARKL8	*Populus trichocarpa*	292	293
Poptr_ARKL9	*Populus trichocarpa*	294	295
Poptr_ARKL10	*Populus trichocarpa*	296	297
Medtr_ARKL1	*Medicago truncatula*	298	299
Medtr_ARKL2	*Medicago truncatula*	300	301
Medtr_ARKL3	*Medicago truncatula*	302	303
Medtr_ARKL4	*Medicago truncatula*	304	305

- *Orysa: *Oryza sativa*; Zeama: *Zea mays*; Horvu: *Hordeum vulgare*; Lyces: *Lycopersicum esculentum*; Glyma: *Glicina max*; Zinel: *Zinnia elegans*; Lotja: *Lotus japonicus*; Arath: *Arabidopsis thaliana*; Poptr: *Populus thricocarpa*; Medtr: *Medicago truncatula*.

A Tabela A5 fornece uma lista das sequências de ácido nucléico relacionadas com a sequência de ácido nucléico usada nos métodos da presente invenção.

Tabela A5: Exemplos de ácidos nucléicos e polipeptídeos YTP:

Nome	Nome Pseudônimo	Organismo Fonte	Ácido nucléico SEQ ID NO	Proteína SEQ ID NO
YTP1	YTP1_PARCIAL	*Oryza sativa*	408	409
YTP2	Os01g0534900 (768)	*Oryza sativa*	410	411
YTP3	Os01g0950900 (701)	*Oryza sativa*	412	413
YTP4	Os03g0137400 (792)	*Oryza sativa*	414	415
YTP5	Os03g0673800 (777)	*Oryza sativa*	416	417
YTP6	Os03g0726300 (743)	*Oryza sativa*	418	419
YTP7	Os05g0393800 (767)	*Oryza sativa*	420	421
YTP8	Os05g0594700 (766)	*Oryza sativa*	422	423
YTP9	Os07g0150100 (731)	*Oryza sativa*	424	425
YTP10	Os10g0379100 (810)	*Oryza sativa*	426	427
YTP11	Os12g0582800 (695)	*Oryza sativa*	428	429
YTP12	Os12g0633600 (763)	*Oryza sativa*	430	431
YTP13	AT1G10090 (762)	*Arabidopsis thaliana*	432	433
YTP14	AT1G11960 (375)	*Arabidopsis thaliana*	434	435
YTP15	AT1G30360 (724)	*Arabidopsis thaliana*	436	437
YTP16	AT1G58520 (657)	*Arabidopsis thaliana*	438	439
YTP17	AT1G62320 (769)	*Arabidopsis thaliana*	440	441
YTP18	AT1G69450 (711)	*Arabidopsis thaliana*	442	443
YTP19	AT3G01100 (596)	*Arabidopsis thaliana*	444	445
YTP20	AT3G21620 (756)	*Arabidopsis thaliana*	446	447
YTP21	AT3G54510 (617)	*Arabidopsis thaliana*	448	449
YTP22	AT4G02900 (806)	*Arabidopsis thaliana*	450	451
YTP23	AT4G04340 (772)	*Arabidopsis thaliana*	452	453
YTP24	AT4G13430 (761)	*Arabidopsis thaliana*	434	435
YTP25	AT4G22120 (771)	*Arabidopsis thaliana*	456	457
YTP26	AT4G33870 (817)	*Arabidopsis thaliana*	458	459
YTP27	AQGL2hit1parcialAquilegia (PGI) (707)	*Aquilegia species*	460	461
YTP28	lcl_175_Medicago (712)	*Medicago truncatula*	462	463
YTP29	lcl_21269_Medicago (790)	*Medicago truncatula*	464	465

Nome	Nome Pseudônimo	Organismo Fonte	Ácido nucléico SEQ ID NO	Proteína SEQ ID NO
YTP30	lcl_24278_Medicago (766)	*Medicago truncatula*	466	467
YTP31	lcl_3723_Medicago (461)	*Medicago truncatula*	468	469
YTP32	lcl_scaff_1405.2 (301)	*Populus trichocarpa*	470	471
YTP33	lcl_scaff_1405.3 (276)	*Populus trichocarpa*	472	473
YTP34	lcl_scaff_166.26 (775)	*Populus trichocarpa*	474	475
YTP35	lcl_scaff_166.27 (774)	*Populus trichocarpa*	476	477
YTP36	lcl_scaff_29.271 (831)	*Populus trichocarpa*	478	479
YTP37	lcl_scaff_I.2570 (724)	*Populus trichocarpa*	480	481
YTP38	lcl_scaff_II.1056 (706)	*Populus trichocarpa*	482	483
YTP39	lcl_scaff_II.2075 (767)	*Populus trichocarpa*	484	485
YTP40	lcl_scaff_III.1644 (726)	*Populus trichocarpa*	486	487
YTP41	lcl_scaff_III.729 (516)	*Populus trichocarpa*	488	489
YTP42	lcl_scaff_IV.1089 (436)	*Populus trichocarpa*	490	491
YTP43	lcl_scaff_VIII.848 (714)	*Populus trichocarpa*	492	493
YTP44	lcl_scaff_XI.92 (546)	*Populus trichocarpa*	494	495
YTP45	lcl_scaff_XI.94 (708)	*Populus trichocarpa*	496	497
YTP46	lcl_scaff_XIV.1036 (846)	*Populus trichocarpa*	498	499
YTP47	Triae_TA80116_4565 (535)	*Triticum aestivum*	500	501
YTP48	volvox2_104236	*Volvox carteri*	502	503
YTP49	VOLVOX_95919	*Volvox carteri*	504	505
YTP50	chlamy-174910 (1129)	*Chlamydomonas reinhardtii*	506	507
YTP51	chlamy-194774 (1429)	*Chlamydomonas reinhardtii*	508	509
YTP52	ref_NP_014557.1_ (991)	*Schizosaccharomyces pombe*	510	511
YTP53	ref_NP_592939.1_ (871)	*Ashbya gossypii*	512	513
YTP54	ref_NP_984890.1_ (875)	*Kluyveromyces lactis*	514	515
YTP55	ref_XP_452699.1_ (967)	*Saccharomyces cerevisiae*	516	517

Em alguns casos, as sequências relacionadas foram por tentativa montadas e publicamente divulgadas pelas instituições de pesquisa, tais como The Institute for Genomic Research (TIGR). A base de dados Eukaryotic Gene Orthologs (EGO) pode ser usada para identificar tais sequências relacionadas, pela pesquisa de palavra chave ou pelo uso do algoritmo BLAST com a sequência de ácido nucléico ou sequência de polipeptídeo de interesse. Em outros casos, bases de dados de sequência de ácido nucléico especiais foram criadas para organismos particulares, tais como pelo Joint Genome Institute, por exemplo para *poplar* e *Ostreococcus tauri*.

Exemplo 2:

a) Alinhamento de sequências de polipeptídeo GRF

O alinhamento de sequência múltipla de todas as sequências de polipeptídeo GRF na Tabela A foi realizado usando o algoritmo AlignX (a partir do Vetor NTI 10.3, Invitrogen Corporation). Os resultados do alinhamento para o domínio QLQ de polipeptídeos GRF da Tabela A (como representado pela SEQ ID NO: 115 para a SEQ ID NO: 2) são mostrados na Figura 2 do presente pedido. Os resíduos de aminoácido QLQ conservados estão localizados no topo do alinhamento múltiplo. Dois outros resíduos muito conservados (nas caixas em preto) são E (Glu) e P (Pro). Os resultados do alinhamento para o domínio WRC dos polipeptídeos GRF da Tabela A (como representado pela SEQ ID NO: 116 para a SEQ ID NO: 2) são mostrados na Figura 3 do presente pedido. Os resíduos de aminoácido de WRC conservados estão em negrito na sequência de consenso. Os três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado ($CX_9CX_{10}CX_2H$), designados como o domínio Efetor de Transcrição (ET), estão em caixas verticalmente através do alinhamento, e também identificados no fundo do alinhamento.

b) Alinhamento de polipeptídeos equivalentes à sequência RAA1

O alinhamento das sequências de polipeptídeo foi realizado usando o programa AlignX para o Vetor NTI (Invitrogen) que é fundamentado no algoritmo Clustal W popular de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25: 4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31: 3497-3500). Os valores de Default são para a penalidade aberta no intervalo de 10, para a penalidade de de extensão de intervalo de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos são alinhados). A edição manual menor foi feita para otimizar ainda mais o alinhamento. A conservação de sequência entre os polipeptídeos equivalentes a RAA1 é essencialmente por toda a sequência inteira com a exceção de uma

região rica em Gly e/ou Ser na metade de terminal N da proteína. Os polipeptídeos equivalentes a RAA1 são alinhados na Figura 7.

c) Alinhamento de sequências de polipeptídeo SYR

O AlignX (Vetor NTI, Invitrogen) está fundamentado no algoritmo Clustal popular de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25: 4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31: 3497-3500). Uma árvore filogenética pode ser construída usando um algoritmo de formação de grupo que une vizinhos. Os valores de default são para a penalidade aberta no intervalo de 10, para a penalidade de extensão de intervalo de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos são alinhados).

O resultado do alinhamento de sequência múltipla usando polipeptídeos relevantes na identificação daqueles úteis na realização dos métodos da invenção é mostrada na Figura 12. A repetição rica em leucina e os motivos conservados podem ser facilmente discriminados nas várias sequências.

d) Alinhamento de sequências de polipeptídeo ARKL

O alinhamento das sequências de polipeptídeo foi realizado usando o programa AlignX a partir do Vetor NTI (Invitrogen) que está fundamentado no algoritmo Clustal W popular de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25: 4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31: 3497-3500). Os valores de default values são para a penalidade aberta no intervalo de 10, para a penalidade de extensão de intervalo de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos são alinhados). Edição manual menor pode ser feita para otimizar ainda mais o alinhamento. A conservação de sequência entre os polipeptídeos ARKL está essencialmente no terminal C junto com o domínio DAR1 e RING-H2 dos polipeptídeos, o domínio de terminal N usualmente sendo mais variável no comprimento e composição de sequência. Os polipeptídeos ARKL são

alinhados na Figura 16.

Uma árvore filogenética dos polipeptídeos ARKL (Figura 17) foi construída usando um algoritmo de formação de grupo que une vizinhos como fornecido no programa AlignX a partir do Vetor NTI (Invitrogen).

e) Alinhamento de sequências de polipeptídeo YTP

O alinhamento das sequências de polipeptídeo foi realizado usando o programa AlignX a partir do Vetor NTI (Invitrogen) que está fundamentado no algoritmo Clustal W popular de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25: 4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31: 3497-3500). Os valores de default são para a penalidade aberta no intervalo de 10, para a penalidade de extensão de intervalo de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos são alinhados). A edição manual menor pode ser feita para otimizar ainda mais o alinhamento. A conservação de sequência entre os polipeptídeos YTP é mais alta no terminal C da proteína dos polipeptídeos ao longo do domínio DUF221. O domínio de terminal N é usualmente mais variável em comprimento e composição de sequência. Os polipeptídeos YTP são alinhados na Figura 22. Os resíduos de aminoácido altamente conservados são indicados na sequência de consenso (ver a Fig. 22).

Uma árvore filogenética dos polipeptídeos YTP (Figura 21) foi construída usando um algoritmo de formação de grupo que une vizinhos como fornecido no programa AlignX a partir do Vetor NTI (Invitrogen). Como mostrada na Figura 21, o Grupo 1 compreende polipeptídeos YTP que formam grupos com a SEQ ID NO: 409 (YTP1 na Figura 21).

Exemplo 3: Cálculo da identidade percentual global entre as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

As porcentagens globais de similaridade e identidade entre sequências de polipeptídeo de tamanho natural úteis na realização dos métodos da invenção foram determinadas usando um dos métodos disponíveis

na técnica, o software MatGAT (Ferramenta de Alinhamento Global de Matriz) (BMC Bioinformatics. 2003 4: 29. MatGAT: a application that generates similarity/identity matrices usindo protein or DNA sequences. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; software hospedado pela Ledion Bitincka). O software MatGAT gera matrizes de similaridade/identidade para sequências de DNA ou proteína sem necessitar de pré-alinhamento dos dados. O programa realiza uma série de alinhamentos aos pares usando o algoritmo de alinhamento global de Myers e Miller (com uma penalidade de abertura de intervalo de 12, e uma penalidade de extensão de intervalo de 2), calcula similaridade e identidade usando por exemplo Blosum 62 (para polipeptídeos), e depois coloca os resultados em uma matriz de distância. A similaridade de sequência é mostrada na metade de fundo da linha divisória e a identidade de sequência é mostrada na metade de topo da linha divisória diagonal.

Os parâmetros usados na comparação foram:

Matriz de contagem: Blosum62

Primeiro intervalo: 12

Intervalo de extensão: 2

Os resultados da análise de software são mostrados na Tabela B quanto a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das sequências de polipeptídeo (excluindo as sequências de polipeptídeo parciais).

Tabela B1: Resultados de MatGAT para a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das sequências de polipeptídeo relacionado a G

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1. Aqufo_GRF		31	22	25	23	38	22	19	22	23	38	31	21	46	23	18	34	19	33	41	29	18	34	35	23	23	23
2. Arath_GRF_AT2G06200.1	43		18	23	20	36	18	17	18	21	37	28	21	32	19	21	25	21	28	28	22	21	25	27	33	22	20
3. Arath_GRF_AT2G22840.1	36	33		28	18	33	22	23	37	21	21	24	27	22	20	19	24	15	30	23	32	21	24	22	30	31	28
4. Arath_GRF_AT2G39400.1	43	31	38		23	27	46	23	28	28	24	25	47	25	20	24	25	18	28	25	35	23	28	37	24	35	33
5. Arath_GRF_AT2G45480.1	38	30	33	36		21	31	16	17	23	22	23	21	24	29	16	23	16	21	22	23	17	22	24	18	22	21
6. Arath_GRF_AT3G13960.1	53	38	34	44	34		23	18	21	22	53	38	22	48	31	18	38	16	29	36	28	17	38	27	33	28	22
7. Arath_GRF_AT3G52910.1	34	25	40	36	36	36		23	24	22	33	23	31	32	19	17	22	15	23	21	23	16	23	20	33	23	22
8. Arath_GRF_AT4G24150.1	31	25	38	36	32	32	35		22	23	19	21	25	18	18	17	21	18	23	19	17	16	22	20	23	23	20
9. Arath_GRF_AT4G37740.1	36	24	73	36	33	31	40	36		21	23	23	26	23	20	18	23	17	24	21	27	19	24	24	29	28	26
10. Arath_GRF_AT5G53660.1	37	30	35	40	35	37	34	36	33		24	27	25	23	23	19	24	14	25	22	22	18	24	35	23	24	23
11. Brana_GRF	54	38	33	41	35	60	33	33	34	38		38	21	47	21	18	28	16	31	35	28	18	28	28	21	24	24
12. Horvu_GRF	46	34	35	43	38	44	35	32	35	41	47		25	35	23	21	68	20	62	39	24	22	70	42	35	28	28
13. Lycpe_GRF	42	33	38	64	37	41	43	38	38	41	40	43		34	21	23	25	18	27	22	24	23	25	25	33	26	24
14. Medtr_GRF	91	44	34	38	38	65	34	31	38	38	63	44	40		22	17	31	14	31	38	26	17	26	30	22	24	22
15. Medtr_GRFlike	37	27	32	33	46	37	33	31	34	37	37	37	34	36		16	23	20	24	20	30	16	22	31	24	23	22
16. Orysa_GRF_NM_001054270.1	27	31	23	31	26	24	33	24	24	28	25	25	32	27	24		22	35	22	18	18	35	21	30	21	21	19
17. Orysa_GRF_NM_001062206.1	53	38	36	44	38	46	35	32	35	42	46	78	41	48	36	30		20	73	33	24	23	36	42	25	27	26
18. Orysa_GRF_NM_001068126.1	27	38	24	29	28	29	23	28	28	28	30	30	31	28	28	40	32		20	14	18	34	20	14	20	18	18
19. Orysa_GRF_Os02g47280.2	51	38	36	47	36	46	35	35	35	39	46	73	44	47	37	30	78	28		34	25	34	70	41	25	29	24
20. Orysa_GRF_Os02g53690.1	53	38	38	43	38	52	32	32	34	36	53	48	40	53	33	28	48	28	55		27	20	33	34	23	25	22
21. Orysa_GRF_Os03g51970.1	40	31	49	40	35	40	37	29	45	40	40	38	38	40	38	23	38	24	40	40		18	24	25	26	38	28
22. Orysa_GRF_Os04g45510.1	29	41	26	33	28	29	24	27	28	31	28	31	33	30	28	71	32	47	32	29	24		23	22	33	22	18
23. Orysa_GRF_Os04g51190.1	52	38	35	44	34	49	35	32	34	41	46	78	41	44	38	28	98	31	78	50	37	32		42	24	27	28
24. Orysa_GRF_Os05g02560.1	52	38	32	38	37	41	33	28	33	40	45	55	40	46	34	28	54	24	55	47	35	33	54		24	25	23
25. Orysa_GRF_Os11g38030.1	36	33	43	37	36	38	35	34	40	36	36	36	36	35	37	27	37	29	40	38	45	25	38	36		37	28
26. Orysa_GRF_Os12g29980.1	38	33	46	40	37	40	35	37	43	39	40	41	40	38	39	27	41	28	42	37	38	28	41	37	54		28
27. Orysa_GRF_Os03g47140.1	37	33	36	40	40	37	35	34	36	40	42	38	38	32	38	25	38	28	37	35	44	27	40	34	43	48	
28. Poptr_GRF_jgi_scaff_26.10	67	43	34	40	38	52	37	31	34	37	55	53	42	60	37	24	55	27	53	55	40	27	55	48	38	38	36
29. Poptr_GRF_jgi_scaff_26.909	40	32	36	65	33	38	46	33	35	42	38	42	58	41	33	30	40	32	41	39	34	33	41	42	38	40	38

| | | |

A identidade percentual entre as sequências de polipeptídeo de tamanho natural úteis na realização dos métodos da invenção pode ser tão baixa quanto 15 % de identidade de aminoácido comparada com a SEQ ID NO: 2.

A identidade percentual pode ser substancialmente aumentada se o cálculo da identidade for realizado entre o domínio QLQ SEQ ID NO: 2 (como representado pela SEQ ID NO: 115 compreendido na SEQ ID NO: 2; domínio QLQ do polipeptídeos GRF da Tabela A representado na Figura 2) e os domínios QLQ dos polipeptídeos úteis na realização da invenção. Similarmente, a identidade percentual pode ser substancialmente aumentada se o cálculo da identidade for realizado entre o domínio WRC SEQ ID NO: 2 (como representado pela SEQ ID NO: 116 compreendido na SEQ ID NO: 2; domínio WRC dos polipeptídeos GRF da Tabela A representado na Figura 3) e os domínios WRC dos polipeptídeos úteis na realização da invenção. A identidade percentual em relação ao domínio QLQ entre as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção varia entre 25 % e 99 % de identidade de aminoácido, e identidade percentual em relação ao domínio WRC entre as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção varia entre 60 % e 99 % de identidade de aminoácido. Como também pode ser observado na Figura 3, o domínio WRC é melhor conservado do que o domínio QLQ entre os polipeptídeos GRF diferentes, como mostrado na Figura 2.

As porcentagens na identidade de aminoácido entre os domínios QLQ, e a identidade percentual entre os domínios WRC são significantemente mais altas do que a identidade de aminoácido percentual calculada entre as sequências de polipeptídeo GRF de tamanho natural.

Os resultados da análise de software relacionada com o polipeptídeo equivalente a RAA1 são mostrados na Tabela B2 para a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das

sequências de polipeptídeo. A similaridade peercentual é dada acima da diagonal e a identidade percentual é dada abaixo da diagonal (face em negrito).

A identidade percentual entre o polipeptídeo equivalente as sequências de RAA1 úteis na realização dos métodos da invenção pode ser tão baixa quanto 31 % de identidade de aminoácido comparada com a SEQ ID NO: 121, deixando Q9LXB6 (SEQ ID NO: 155) fora de consideração.

Tabela B2: Resultados de MatGAT para a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das sequências de polipeptídeo. A SEQ ID NO: 121 é representada por Q9LGE3.

	A2WN 18	A2XRE0	Q6RIB0	A3BNA1	Q9LGE3	Q5Q0B3	Q0E1D7	O24340	Q8H475
A2WN18		63,6	73,4	70,6	100	46,4	67,2	74,5	68,8
A2XRE0	50		72	59,3	63,6	44,8	81,1	66,1	57,6
Q6RIB0	59,6	57,6		74,3	72,5	47,5	68	74,5	72,6
A3BNA1	55,3	48,8	52,8		70,6	39,8	60,7	64,5	95,3
Q9LGE3	98,2	50,8	58,7	56,1		46,4	67,2	73,6	68,8
Q5Q0B3	39,8	32,4	37	32,1	39,8		48,6	55,8	39,2
Q0E1D7	54,9	76,2	58,2	46,4	55,7	37,4		70,5	59,8
O24340	58	45	60,9	46,1	58,9	44,5	53,2		66,4
Q8H475	53	47,1	51,4	95,3	53,9	31,9	45,6	45,7	
Q0JEF5	50	99,2	57,6	48,8	50,8	32,4	76,2	45	47,1
O49587	58,1	46,6	54	45,7	58,1	68,5	53,4	64,8	45,4
A2X4J6	54,9	76,2	58,2	46,4	55,7	37,9	99,2	51,6	45,6
Q7XX25	51,4	91,5	59,5	49,1	52,3	32,6	71,3	45,6	48,7
Q8LR63	58,3	47	52	45,5	59,1	39,2	50,7	54,7	45,5
Q9LXB5	58,9	46,7	56,2	45,3	58,9	46,2	52	79,6	44,9
Q9LXB6	8,5	7,3	7,6	6,7	8,5	8,3	8,7	11,1	6,8
O23624	58	45	59,1	47	58	45,6	52,4	92,7	44,8

	Q0JEF5	O49587	A2X4J6	Q7XX25	Q8LR63	Q9LXB5	Q9LXB6	O23624
A2WN18	63,6	67,7	67,2	67	70,1	72,3	10,4	73,6
A2XRE0	100	65,3	81,1	91,5	64,6	67,8	10,4	65,3
Q6RIB0	72	69,4	68	76,9	65,4	71,4	10	74,5
A3BNA1	59,3	58,9	60,7	63	59,1	62,5	9,2	65,5
Q9LGE3	63,6	67,7	67,2	67	70,1	72,3	10,4	72,7
Q5Q0B3	44,8	68,5	48,6	43,6	49,7	55,2	13,9	54,7
Q0E1D7	81,1	71	100	76,2	69,3	66,4	11,2	68,9
O24340	66,1	81,5	68	68,2	70,9	90,2	12,6	98,2
Q8H475	57,6	58,1	59,8	63	58,3	62,5	9,3	65,5
Q0JEF5		65,3	81,1	91,5	64,6	67,8	10,4	65,3
O49587	46,6		71	63,7	70,9	80,6	12,4	79,8
A2X4J6	76,2	54,1		76,2	69,3	67,2	11,3	68,9
Q7XX25	91,5	47,6	71,3		64,6	69,6	9,7	67,3
Q8LR63	47	56,6	50,7	48,8		70,1	11,3	70,1
Q9LXB5	46,7	67,2	52	47,4	54,7		13,8	89,3
Q9LXB6	7,2	10	8,7	6,6	8,7	13,6		12,3
O23624	45	66,4	52,4	45,6	53,9	79,6	11,1	

A identidade percentual entre as sequências de polipeptídeo relacionada com os polipeptídeos SYR úteis na realização dos métodos da invenção pode ser tão baixa quanto 27 % de identidade de aminoácido comparada com a SEQ ID NO: 169.

Tabela B3: Resultados de MatGAT para a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das sequências do polipeptídeo SYR.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1, SEQID169		**29,8**	**46,8**	**55,2**	**67,0**	**66,1**	**66,7**	**71,4**	**63,6**	**36,8**	**34,6**	**35,5**	**39,7**	**39,0**	**41,0**	**27,6**	**32,1**
2, SEQID179	40,4		**29,8**	**23,0**	**26,8**	**28,1**	**23,6**	**25,3**	**28,7**	**30,3**	**28,1**	**30,9**	**32,0**	**28,1**	**24,7**	**16,3**	**17,4**
3, SEQID180	57,9	39,3		**42,9**	**46,0**	**47,6**	**44,4**	**47,6**	**45,2**	**31,9**	**33,3**	**33,1**	**34,1**	**37,3**	**34,1**	**24,8**	**28,3**
4, SEQID181	59,0	32,0	50,8		**57,1**	**55,4**	**77,4**	**77,4**	**83,2**	**25,4**	**26,7**	**26,6**	**30,2**	**32,2**	**33,3**	**21,6**	**23,9**
5, SEQID182	80,9	41,0	57,9	69,1		**89,1**	**63,4**	**67,9**	**66,1**	**36,9**	**31,9**	**33,1**	**40,5**	**37,3**	**40,9**	**24,8**	**27,9**
6, SEQID183	79,1	38,2	59,5	65,5	95,5		**61,6**	**66,1**	**62,5**	**36,4**	**32,6**	**36,0**	**40,5**	**38,8**	**38,2**	**24,0**	**28,8**
7, SEQID184	69,5	34,8	57,1	78,1	72,7	69,1		**94,9**	**81,3**	**30,8**	**29,6**	**31,7**	**34,1**	**34,7**	**39,4**	**25,5**	**29,0**
8, SEQID185	74,3	37,1	60,3	80,0	77,3	73,6	94,9		**85,0**	**33,1**	**31,9**	**33,8**	**36,5**	**37,3**	**42,4**	**28,2**	**32,0**
9, SEQID186	69,2	39,3	56,3	86,0	78,2	74,5	84,1	88,8		**36,9**	**32,6**	**36,7**	**38,1**	**39,8**	**40,2**	**28,8**	**29,6**
10, SEQID187	54,6	41,6	56,9	46,2	57,7	60,8	50,0	53,1	54,6		**66,2**	**46,9**	**51,9**	**44,3**	**42,7**	**26,3**	**26,9**
11, SEQID188	51,9	44,4	56,3	47,4	54,8	54,8	50,4	53,3	52,6	77,8		**49,0**	**46,8**	**41,1**	**39,3**	**28,7**	**27,2**
12, SEQID189	54,0	43,8	54,7	45,3	53,2	54,0	49,6	51,8	54,7	65,5	65,5		**61,9**	**45,1**	**40,3**	**24,0**	**22,9**
13, SEQID190	58,7	45,5	55,6	50,0	60,3	59,5	54,8	57,1	63,5	66,9	66,7	77,7		**53,8**	**44,4**	**27,0**	**27,6**
14, SEQID191	61,9	42,7	57,9	55,1	58,5	63,6	61,0	63,6	62,7	66,9	64,4	68,3	77,0		**73,7**	**27,9**	**29,4**
15, SEQID192	62,9	35,4	50,0	53,3	60,0	58,2	66,7	69,7	61,7	56,2	54,8	54,7	60,3	73,7		**36,7**	**38,6**
16, SEQID201	45,7	25,3	38,1	38,1	39,1	40,0	45,5	48,5	44,9	40,0	40,7	36,0	41,3	41,5	56,3		**42,0**
17, SEQID202	50,5	30,3	45,2	40,0	46,4	44,5	47,5	50,5	45,8	34,6	42,2	36,7	40,5	42,4	55,2	57,7	

A identidade percentual entre as sequências do polipeptídeo ARKL úteis na realização dos métodos da invenção pode ser tão baixa quanto 10 % de identidade de aminoácido comparada com a SEQ ID NO: 213 (Orysa-ARKL1).

Tabela B4: Resultados de MatGAT para a similaridade e identidade globais em relação ao tamanho natural das sequências de polipeptídeo ARKL.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1, Orysa ARKL1		25,6	19,2	22,9	26,4	21,5	22,6	21,3	16,6	19,6	25,1	20,4	64,7	18,0	18,8
2, Orysa ARKL3	34,8		23,7	21,2	23,2	22,0	20,9	13,9	10,0	12,8	62,0	24,6	24,7	22,3	14,8
3, Orysa ARKL4	27,6	37,8		23,0	17,9	22,3	21,8	14,0	9,6	12,0	25,1	27,3	19,1	27,8	11,0
4, Orysa ARKL5	38,1	36,2	35,1		20,6	45,4	23,6	15,3	11,1	13,7	20,9	23,5	23,1	22,0	14,6
5, Orysa ARKL6	41,4	31,0	25,7	33,9		21,0	22,4	21,6	24,2	18,6	22,9	19,5	25,1	16,6	19,8
6, Orysa ARKL7	33,4	35,5	34,6	57,0	30,6		23,7	15,3	11,0	13,5	23,3	24,2	22,1	21,3	14,6
7, Orysa ARKL8	32,6	35,0	32,7	42,7	33,6	38,6		14,6	11,6	14,2	20,6	24,0	21,8	20,7	11,9

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
8, Orysa ARKL9	35,1	24,3	21,7	24,6	32,1	25,0	25,6		15,5	15,3	15,5	13,4	20,1	11,2	20,1
9, Zeama ARKL1	23,4	14,0	12,3	16,6	28,0	15,8	15,8	22,3		43,2	10,1	8,4	15,5	7,3	17,1
10, Zeama ARKL2	25,3	16,9	14,4	16,8	26,1	17,3	19,4	23,0	64,2		11,9	17,3	18,2	11,5	19,0
11, Horvu ARKL1	35,7	73,4	38,6	38,1	33,0	38,3	35,2	23,5	14,3	15,8		24,0	24,9	23,7	13,9
12, Horvu ARKL2	29,6	38,9	42,9	37,2	28,8	36,6	37,7	21,7	13,0	18,8	37,8		20,3	32,5	12,3
13, Horvu ARKL3	76,5	34,3	27,1	35,1	40,1	32,5	31,2	32,6	22,5	23,5	35,1	28,6		17,1	19,3
14, Glyma ARKL1	26,4	35,6	43,6	33,3	23,4	33,9	31,4	18,8	10,8	13,6	35,8	46,9	23,8		11,3
15, Glyma ARKL2	31,6	21,6	19,0	23,8	29,9	22,0	23,0	32,5	26,0	30,5	20,4	19,1	31,0	16,8	
16, Musmu ARKL3	18,0	26,1	28,6	22,9	17,4	25,4	23,9	15,2	7,1	8,4	26,1	29,8	18,8	32,6	14,2

Tabela B5-1: Resultados de MatGAT para a similaridade e identidade globais em relação ao domínio DUF221 ou fragmento de domínio em uma seleção dos polipeptídeos YTP da Tabela A.

	YTP 13_ DUF 221	YTP 16_ DUF 221	YTP 5_ DUF 221	YTP 12_ DUF 221	YTP 6_ DUF 221	YTP 18_ DUF 221	YTP 11_ DUF 221	YTP 19_ DUF 221	YTP 21_ DUF 221	YTP 3_ DUF 221	YTP 15_ DUF 221	YTP 9_ DUF 221	YTP 26_ DUF 221	YTP 4_ DUF 221	YTP 1_ DUF 221
YTP13 _DUF2 21		81,1	59,3	58,8	56,2	43,6	44,1	34,1	39,0	36,2	29,4	29,3	20,1	20,6	9,6
YTP16 _DUF2 21	90,3		63,0	63,0	58,8	42,6	45,5	34,5	37,6	37,7	30,3	30,3	18,6	19,1	9,0
YTP5 _DUF2 21	76,9	76,5		84,0	60,4	45,3	48,5	36,1	40,7	38,7	29,2	30,9	17,4	19,3	9,0
YTP12 _DUF2 21	77,7	78,2	91,5		60,2	43,3	49,8	37,9	40,5	38,3	32,2	32,8	17,7	18,9	11,2
YTP6 _DUF2 21	74,8	74,5	77,2	78,4		41,8	45,1	34,8	36,4	36,8	30,2	27,6	17,4	19,1	9,2
YTP18 _DUF2 21	60,5	59,8	63,9	63,2	60,8		55,0	44,8	37,6	36,1	26,4	28,4	19,8	21,4	7,3
YTP11 _DUF2 21	61,8	62,0	63,1	64,8	64,6	71,4		41,1	37,6	37,3	27,8	29,1	19,4	20,3	9,0
YTP19 _DUF2 21	49,4	50,7	52,2	54,4	51,5	59,3	56,4		30,6	28,4	21,3	21,4	18,6	16,2	11,1

YTP21_DUF221	59,0	58,1	60,7	63,4	59,3	54,0	56,4	47,0		61,9	28,2	30,8	17,5	17,9	9,7
YTP3_DUF221	55,5	56,9	56,3	58,7	57,5	54,2	56,7	46,7	77,6		28,1	28,3	17,4	18,0	8,9
YTP15_DUF221	48,8	49,3	50,0	52,9	51,7	47,6	49,0	38,0	49,0	49,3		59,8	18,5	17,9	16,8
YTP9_DUF221	50,4	49,2	52,3	54,9	51,3	49,2	49,9	37,6	50,4	48,0	77,5		20,8	19,7	29,3
YTP26_DUF221	36,1	34,8	35,4	37,0	34,4	38,9	38,7	33,9	36,3	36,1	35,7	38,7		68,6	9,2
YTP4_DUF221	41,5	40,4	38,5	38,7	37,1	40,4	40,0	33,6	38,5	38,2	37,4	37,8	83,6		7,0
YTP1_DUF221	16,1	14,7	16,0	19,7	17,5	14,0	15,6	18,2	15,2	15,9	23,0	30,4	15,5	13,8	

A Tabela B5-2 mostra a SEQ ID NO: que correspondie com as sequências usadas na Tabela B5-1.

Tabela B5-2: domínios DUF221.

Descrição	SEQ ID NO
YTP13_DUF221	530
YTP16_DUF221	533
YTP5_DUF221	522
YTP12_DUF221	529
YTP6_DUF221	523
YTP18_DUF221	525
YTP11_DUF221	528
YTP19_DUF221	536
YTP21_DUF221	538
YTP3_DUF221	520
YTP15_DUF221	532
YTP9_DUF221	526
YTP26_DUF221	543
YTP4_DUF221	521
YTP1_DUF221	518

Exemplo 4: Identificação de domínios compreendidos nas sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

A base de dados Recurso Integrado de Famílias de Proteína, Domínios e Sítios (InterPro) é uma interface integrada para as bases de dados de assinatura habitualmente usadas para as pesquisas com base em texto e sequência. A base de dados InterPro combina estas bases de dados, que usam metodologias diferentes e graus variáveis de informação biológica em torno das proteínas bem caracterizadas para derivar assinaturas de proteína. As bases de dados colaboradoras incluem SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom e Pfam, Smart e TIGRFAMs. A Interpro é abrigada no European Bioinformatics Institute no Reino Unido.

Os resultados da varedura na InterPro da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 2 são apresentados na Tabela C.

Tabela C1: Resultados de varredura da InterPro da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 2

Número e nome de acesso InterPro	Nome da base de dados integrada	Número de acesso da base de dados integrada	Nome de acesso da nase de dados integrada
IPR014977 domínio WRC	PFAM	PF08879	WRC
IPR014978 domínio QLQ	PFAM	PF08880	QLQ

Os resultados da varredura da InterPro da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 213 são apresentados na Tabela C1.

Tabela C2-1: Resultados de varredura da InterPro (números de acesso principais) da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 213.

Dúvida	Acesso da InterPRO	Descrição acesso Interpro	Método de pesquisa	Base de dados pecsquisada	Acesso na base de dados	Coordenadas de aminoácido na sequência dúvida	Valores
Orysa-ARKL1	IPR0013083	Dedo de zinco, Tipo RING /FYVE/PHD	Gene3D	Gene3D	G3DSA: 3.30.40.10	315-365	1.3e-10
Orysa-ARKL1	IPR001841	Dedo de zinco, tipo Ring	HMM Smart	Smart	SM00184	319-359	7.4e-07
Orysa-ARKL1	Nenhum acesso IPR	RELACIONADO COM A PROTEÍNA DEDO DE RING 24	HMM Panther	Panther	PTHR22766	316-365	9.6e-12
Orysa-ARKL1	IPR001841	Dedo de zinco, TIPO Ring	HMM Pfam	Pfam	PF00097	319-359	4.9e-09
Orysa-ARKL1	Nehhum acesso IPR	NA*	HMM Pfam	Pfam	PF2828	266-296	

Tabela C2-2. Domínios RING e DAR1 nos polipeptídeos ARKL

(- Proteína de Referência

Domínio	Proteína de Referência	SEQ ID NO:
ZfC3HC4_Orysa_ARKL1	Orysa_ARKL1	306
ZfC3HC4_Orysa_ARKL3	Orysa_ARKL3	307
ZfC3HC4_Orysa_ARKL4	Orysa_ARKL4	308
ZfC3HC4_Orysa_ARKL5	Orysa_ARKL5	309
ZfC3HC4_Orysa_ARKL6	Orysa_ARKL6	310
ZfC3HC4_Orysa_ARKL7	Orysa_ARKL7	311
ZfC3HC4_Orysa_ARKL8	Orysa_ARKL8	312
ZfC3HC4_Orysa_ARKL9	Orysa_ARKL9	313

Domínio	Proteína de Referência	SEQ ID NO:
ZfC3HC4_Zeama_ARKL1	Zeama_ARKL1	314
ZfC3HC4_Zeama_ARKL2	Zeama_ARKL2	315
ZfC3HC4_Horvu_ARKL1	Horvu_ARKL1	316
ZfC3HC4_Horvu_ARKL2	Horvu_ARKL2	317
ZfC3HC4_Horvu_ARKL3	Horvu_ARKL3	318
ZfC3HC4_Lyces_ARKL1	Lyces_ARKL1	319
ZfC3HC4_Lyces_ARKL2	Lyces_ARKL2	320
ZfC3HC4_Lyces_ARKL3	Lyces_ARKL3	321
ZfC3HC4_Glyma_ARKL1	Glyma_ARKL1	322
ZfC3HC4_Glyma_ARKL2	Glyma_ARKL2	323
ZfC3HC4_Zinel_ARKL1	Zinel_ARKL1	324
ZfC3HC4_Lotja_ARKL1	Lotja_ARKL1	325
ZfC3HC4_Arath_ARKL1	Arath_ARKL1	326
ZfC3HC4_Arath_ARKL2	Arath_ARKL2	327
ZfC3HC4_Arath_ARKL3	Arath_ARKL3	328
ZfC3HC4_Arath_ARKL4	Arath_ARKL4	329
ZfC3HC4_Arath_ARKL5	Arath_ARKL5	330
ZfC3HC4_Arath_ARKL6	Arath_ARKL6	331
ZfC3HC4_Arath_ARKL7	Arath_ARKL7	332
ZfC3HC4_Arath_ARKL8	Arath_ARKL8	333
ZfC3HC4_Arath_ARKL9	Arath_ARKL9	334
ZfC3HC4_Arath_ARKL10	Arath_ARKL10	335
ZfC3HC4_Arath_ARKL11	Arath_ARKL11	336
ZfC3HC4_Arath_ARKL12	Arath_ARKL12	337
ZfC3HC4_Poptr_ARKL1	Poptr_ARKL1	338
ZfC3HC4_Poptr_ARKL2	Poptr_ARKL2	339
ZfC3HC4_Poptr_ARKL3	Poptr_ARKL3	340
ZfC3HC4_Poptr_ARKL4	Poptr_ARKL4	341
ZfC3HC4_Poptr_ARKL5	Poptr_ARKL5	342
ZfC3HC4_Poptr_ARKL6	Poptr_ARKL6	343
ZfC3HC4_Poptr_ARKL7	Poptr_ARKL7	344
ZfC3HC4_Poptr_ARKL8	Poptr_ARKL8	345
ZfC3HC4_Poptr_ARKL9	Poptr_ARKL9	346
ZfC3HC4_Poptr_ARKL10	Poptr_ARKL10	347
ZfC3HC4_Medtr_ARKL1	Medtr_ARKL1	348
ZfC3HC4_Medtr_ARKL2	Medtr_ARKL2	349
ZfC3HC4_Medtr_ARKL3	Medtr_ARKL3	350
ZfC3HC4_Medtr_ARKL4	Medtr_ARKL4	351
PfamB2828_Orysa_ARKL1	Orysa_ARKL1	352
PfamB2828_Orysa_ARKL2	Orysa_ARKL2	353
PfamB2828_Orysa_ARKL3	Orysa_ARKL3	354
PfamB2828_Orysa_ARKL4	Orysa_ARKL4	355
PfamB2828_Orysa_ARKL5	Orysa_ARKL5	356
PfamB2828_Orysa_ARKL6	Orysa_ARKL6	357
PfamB2828_Orysa_ARKL7	Orysa_ARKL7	358
PfamB2828_Orysa_ARKL8	Orysa_ARKL8	359
PfamB2828_Orysa_ARKL9	Orysa_ARKL9	360

Domínio	Proteína de Referência	SEQ ID NO:
PfamB2828_Zeama_ARKL1	Zeama_ARKL1	361
PfamB2828_Zeama_ARKL2	Zeama_ARKL2	362
PfamB2828_Horvu_ARKL1	Horvu_ARKL1	363
PfamB2828_Horvu_ARKL2	Horvu_ARKL2	364
PfamB2828_Horvu_ARKL3	Horvu_ARKL3	365
PfamB2828_Lyces_ARKL1	Lyces_ARKL1	366
PfamB2828_Lyces_ARKL2	Lyces_ARKL2	367
PfamB2828_Lyces_ARKL3	Lyces_ARKL3	368
PfamB2828_Glyma_ARKL1	Glyma_ARKL1	369
PfamB2828_Glyma_ARKL2	Glyma_ARKL2	370
PfamB2828_Zinel_ARKL1	Zinel_ARKL1	371
PfamB2828_Lotja_ARKL1	Lotja_ARKL1	372
PfamB2828_Arath_ARKL1	Arath_ARKL1	373
PfamB2828_Arath_ARKL2	Arath_ARKL2	374
PfamB2828_Arath_ARKL3	Arath_ARKL3	375
PfamB2828_Arath_ARKL4	Arath_ARKL4	376
PfamB2828_Arath_ARKL5	Arath_ARKL5	377
PfamB2828_Arath_ARKL6	Arath_ARKL6	378
PfamB2828_Arath_ARKL7	Arath_ARKL7	379
PfamB2828_Arath_ARKL8	Arath_ARKL8	380
PfamB2828_Arath_ARKL9	Arath_ARKL9	381
PfamB2828_Arath_ARKL10	Arath_ARKL10	382
PfamB2828_Arath_ARKL11	Arath_ARKL11	383
PfamB2828_Arath_ARKL12	Arath_ARKL12	384
PfamB2828_Poptr_ARKL1	Poptr_ARKL1	385
PfamB2828_Poptr_ARKL2	Poptr_ARKL2	386
PfamB2828_Poptr_ARKL3	Poptr_ARKL3	387
PfamB2828_Poptr_ARKL4	Poptr_ARKL4	388
PfamB2828_Poptr_ARKL5	Poptr_ARKL5	389
PfamB2828_Poptr_ARKL6	Poptr_ARKL6	390
PfamB2828_Poptr_ARKL7	Poptr_ARKL7	391
PfamB2828_Poptr_ARKL8	Poptr_ARKL8	392
PfamB2828_Poptr_ARKL9	Poptr_ARKL9	393
PfamB2828_Poptr_ARKL10	Poptr_ARKL10	394
PfamB2828_Medtr_ARKL1	Medtr_ARKL1	395
PfamB2828_Medtr_ARKL2	Medtr_ARKL2	396
PfamB2828_Medtr_ARKL3	Medtr_ARKL3	397
PfamB2828_Medtr_ARKL4	Medtr_ARKL4	398

Os resultados da pesquisa Pfam da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 409 são apresentadas na Tabela C3-1 (Emparelhamentos confiáveis) e Tabela C2 (Emparelhamentos a Pfam-B).

Tabela C3-1: Emparelhamentos confiáveis de uma pesquisa Pfam usando a SEQ ID NO: 409 como sequência dúvida. Os emparelhamentos confiáveis

têm um mais alto do que o limiar deduzido para o domínio específico em Pfam. DUF221 é um domínio Pfam-A com o número de acesso PF02714.

Domínio	Início	Fim	Bits	Valor e	Alinhamento	Modo
DUF221	305	411	44,10	2,3e-12	Align	fs

Tabela C3-2: Emparelhamentos para Pfam-B

Domínio	Início	Fim	Alinhamento
Pfam-B-1332	1	110	Align
Pfam-B-4698	144	233	Align
Pfam-B-131006	234	304	Align

Exemplo 5: Porgnóstico da localização subcelular das sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

Os métodos experimentais para a localização de proteína variam de imunolocalização para o alvejamento de proteínas usando a proteína fluorescente verde (GFP) ou beta-glicuronidase (GUS). Por exemplo, um polipeptídeo GRF fundido a um gene do reporter de GUS foi usado para transformar transitoriamente células da epiderme de cebola (van der Knapp *et al.* (2000) Plant Phys 122: 695-704). O núcleo foi identificado como o compartimento subcelular do polipeptídeo GRF. Tais métodos para identificar a compartimentalização subcelular de polipeptídeos GRF são bem conhecidos na técnica.

Um sinal de localização nuclear prognosticado (NLS) foi encontrado pelo alinhamento de sequência múltipla, seguido pela inspeção ocular, no domínio WRC (CRRTDGKKWRC) do polipeptídeo GRF da Tabela A. Um NLS é uma ou mais sequências curtas de lisinas ou argininas positivamente carregadas.

O prognóstico computacional de localização de proteína a partir dos dados de sequência foi realizado. Entre os algoritmos bem conhecidos por uma pessoa habilitada na técnica estão disponíveis nas ferramentas ExPASy Proteomics hospedadas pelo Swiss Institute for Bioinformatics, por exemplo, PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, SignalP e outros.

LOCtree é um algoritmo que pode prognosticar a localização subcelular e a propensão da ligação de DNA de proteínas que não de membrana em eucariotas assim como procariotas não vegetais e vegetais. LOCtree classifica proteínas animais eucarióticas em uma de cinco classes subcelulares, enquanto que as proteínas vegetais são classificadas em uma de seis classes e as proteínas procarióticas são classificadas em uma de três classes. A Tabela D abaixo mostra a saída de LOCtree usando a informação de sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 2. Prognósticos de alta confiabilidade têm valore de índice de confiabilidade maiores do que 5.

Tabela D Entrada de LOCtree usando a informação de sequência de polipeptídeo da SEQ ID NO: 2.

Localização Prognosticada	Índice de confiabilidade	Prognóstico de localização intermediária(saída de SVMs diferentes na árvore hierárquica)	Índice de confiabilidade
Ligação de DNA	6	Não secretado, Nuclear, ligação de DNA	8, 6, 9

O compartimento subcelular prognosticado do polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 usando o algoritmo LOCTree é o núcleo.

Exemplo 6: Ensaio relacionado com as sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

Os polipeptídeos GRF úteis nos métodos da presente invenção (pelo menos na sua forma nativa) tipicamente, mas não necessariamente, têm atividade regulatória transcricional e capacidade para interagir com outras proteínas. A atividade de ligação de DNA e interações de proteína-proteína podem ser facilmente determinadas *in vitro* ou *in vivo* usando técnicas bem conhecidas no ramo (por exemplo em Current Protocols in Molecular Biology, Volumes 1 e 2, Ausubel *et al.* (1994), Current Protocols). Os polipeptídeos GRF são capazes de ativação transcricional de genes repórter em células de levedura (Kim & Kende (2004) Proc Natl Acad Sci 101(36):

13374-13379). Os polipeptídeos GRF também são capazes de interagir com polipeptídeos do fator que interage com GRF (GIF1 a GIF3; também chamado de SYT1 a SYT3) *in vivo* em células de levedura, usando um ensaio de interação de proteína-proteína de híbrido duplo de levedura (Kim & Kende, supra). Os ensaios de ligação *in vitro* também são usados para mostrar que os polipeptídeos GRF e GIF (também chamado de SYT) são parceiros de interação (Kim & Kende, supra). Os experimentos descritos nesta publicação são úteis na caracterização de polipeptídeos GRF, e são bem conhecidos na técnica.

Exemplo 7: Prognóstico de topologia da sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

O TargetP 1.1 prognostica a localização subcelular de proteínas eucarióticas. A designação de localização está fundamentada na presença prognosticada de qualquer uma das pré-sequências de terminal N: peptídeo de trânsito de cloroplasto (cTP), peptídeo de alvejamento mitocondrial (mTP) ou peptídeo de sinal de caminho secretor (SP). As contagens nas quais o prognóstico final está fundamentado não são realmente probabilidades, e elas não são necessariamente adicionadas a uma. Entretanto, a localização com a contagem mais alta é a mais provável de acordo com TargetP, e as relações entre as contagens (a classe de confiabilidade) pode ser uma indicação de quão certo o prognóstico é. A classe de confiabilidade (RC) varia de 1 a 5, onde 1 indica o prognóstico mais forte. TargetP é mantido no servidor da Technical University of Denmark.

Para as sequências prognosticadas conter uma pré-sequência de terminal N um sítio de clivagem potencial também pode ser prognosticado.

Vários parâmetros foram selecionados, tais como grupo de organismo (não vegetalplanta ou vegetal), conjuntos de cortes (nenhum, conjuntoo pré-definido de cortes, ou conjunto especificado pelo usuário de cortes), e o cálculo de prognóstico de sítios de clivagem (sim ou não).

Os resultados da análise de TargetP 1.1 da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 121 são apresentados na Tabela E1. O grupo de organismo "vegetal" foi selecionado, nenhum corrte definido, e o coprimento prognosticado do peptídeo de trânsito requerido. A localização subcelular da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 121 é provável estar no citoplasma, no peptídeo de trânsito (SignalP) ou sinal de localização nuclear (PredictNLS) é prognosticada.

Tabela E1: Análise de TargetP 1.1 da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 121

Comprimento (AA)	109
Peptídeo de trânsito cloroplástico	0,098
Peptídeo de trânsito mitocondrial	0,404
Peptídeo de sinal do caminho secretor	0,025
Outro alvejamento subcelular	0,450
Localização Prognosticada	/
Classe de confiabilidade	5
Comprimento do peptídeo de trânsito prognosticado	/

Muitos outros algoritmos podem ser usados para realizar tais análises, incluindo:

- ChloroP 1.1 hospedado no servidor da Technical University of Denmark;
- Protein Prowler Subcellular Localisation Predictor versão 1.2 hospedado no servidor do Institute for Molecular Bioscience, University of Queensland, Brisbane, Austrália;
- PENCE Proteome Analyst PA-GOSUB 2,5 hospedado no servidor da University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canadá;
- TMHMM, hospedado no servidor da Technical University of Denmark

Os resultados da análise de TargetP 1,1 da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 169 são apresentados na Tabela E2. O grupo de organismo "vegetal" foi selecionado, nenhum corte definido, e o comprimento prognosticado do peptídeo de trânsito requerido. A

localização subcelular da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 169 pode ser a mitocôndria; entretanto deve ser mencionado que a classe de confiabilidade é 5 (isto é, a classe de confiabilidade mais baixa).

Tabela E2: Análise de TargetP 1.1 da sequência de polipeptídeo como representada pela SEQ ID NO: 169

Comprimento (AA)	105
Peptídeo de trânsito cloroplástico	0,025
Peptídeo de trânsito mitocondrial	0,552
peptídeo de sinal do caminho secretor	0,009
Outro alvejamento subcelular	0,416
Localização Prognosticada	Mitocôndria
classe de confiabilidade	5

Dois domínios de transmembrana são identificados pelo programa TMHMM, hospedado no servidor do Center for Biological Sequence Análise, Technical University of Denmark. A probabilidade de que o terminal N esteja localizado dentro é 0,997. Mais detalhes sobre a orientação são dadas na Tabela F:

Tabela F: Resultados de TMHMM 2.0

Orientação	Resíduo começo – fim	
dentro	1	42
TMhélice	43	65
fora	66	74
TMhélice	75	92
dentro	93	105

Muitos outros algoritmos podem ser usados para realizar tais análises, incluindo:

ChloroP 1,1 hospedado no servidor da Technical University of Denmark;

Protein Prowler Subcellular Localisation Predictor versão 1.2 hospedado no servidor do Institute for Molecular Bioscience, University of Queensland, Brisbane, Austrália;

PENCE Proteome Analyst PA-GOSUB 2,5 hospedado no servidor da University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canadá;

Exemplo 8: Ensaio funcional para os polipeptídeos ARKL

O enssaio de ubiquitinação é realizado essencialmente como descrito por Stone *et al.* 2005. A proteína ARKL rotulada com GST é incubada a 30° C e pH 7,5 com levedura E1, E2 purifeada em UBCC8, e ubiquitina (Sigma). A reação é interompida e analisada pela eletroforese de SDS-PAGE seguida pela western blotting usando anticorpos de ubiquitina.

Experimentos de quelação de zinco são feitos incubando-se proteína GST-ARKL ligadas a pérolas tratadas com TPEN com $ZnCl_2$.

Exemplo 9: Prognóstico de topologia de transmembrana das sequências de polipeptídeo úteis na realização dos métodos da invenção

O algoritmo TMHMM V 2.0 (Krogh *et al.* 2001 J Mol Biol, 305, 567-580) foi usado para prognosticar hélices de transmembrana na SEQ ID NO: 409.

Como mostrado abaixo existem 4 hélices de transmembrane prognosticadas. A posição dos resíduos de aminoácido para as hélices também é indicada. As alças entre as hélices de transmembrana são prognosticadas estar localizadas dentro da membrane para as alças entre os resíduos 28-85 e 172-373 e fora para a alça entre os resíduos 109-151.

Número de Sequência de TMHs prognosticado: 4
Número de Sequência Exp de AAs eem TMHs: 89,26923
Número de Sequência Exp, primeiros 60 AAs: 22,14249
Sequência Total prob de N-em: 0,04519
Sequência de sinal de terminal N da sequência POSSIBLE

		Início	Fim (coordenada de aminoácido)
SequênciaTMHMM2.0	fora	1	4
SequênciaTMHMM2.0	TMhelix	5	27
SequênciaTMHMM2.0	dentro	28	85
SequênciaTMHMM2.0	TMhelix	86	108
SequênciaTMHMM2.0	fora	109	151
SequênciaTMHMM2.0	TMhelix	152	171
SequênciaTMHMM2.0	dentro	172	373
SequênciaTMHMM2.0	TMhelix	374	396
SequênciaTMHMM2.0	fora	397	428

Exemplo 10:

a) Clonagem da sequência de ácido nucléico como representada pela SEQ ID NO: 1

A menos quee de outro modo estabelecido, as técnicas de DNA recombinantes são realizadas de acordo com os protocolos padrão descritos em (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edição Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nova Iorque) ou nos Volumes 1 e 2 de Ausubel *et al.* (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Os materials e métodos padrão para o trabalho molecular vegetal são descritos em Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R. D. D. Croy, publicado pela BIOS Scientific Publications Ltd (UK) e Blackwell Scientific Publications (UK).

O cDNA de *Arabidopsis thaliana* que codifica a sequência de polipeptídeo GRF como representada pela SEQ ID NO: 2 foi amplificada pela PCR usando como padrão um banco de cDNA de *Arabidopsis* sintetizado a partir do mRNA extraído de tecidos vegetais misturados. Os seguintes iniciadores, que incluem os sítios AttB para a recombinação Gateway, foram usado para a amplificação pela PCR:

1) Prm 10010 (SEQ ID NO: 118, sentido):
5'-GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGAT GAGTCTAAGTGGAAGTAG-3'

2) Prm 10011 (SEQ ID NO: 119, reverso, complementar):
5'-GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTAGCTCTACTTAA TTAGCTACCAG-3'

A PCR foi realizada usando Hifi Taq DNA polimerase em condições padrão. Um fragmento de PCR do comprimento esperado (incluindo sítios attB) foi amplificado e purificado usando também métodos padrão. A primeira etapa do procedimento Gateway, a reação BP, foi depois realizada, durante o que o fragmento de PCR recombinado *in vivo* com o plasmídeo pDONR201 para produzir, de acordo com a terminologia de

Gateway, um "clone de entrada". O plasmídeo pDONR201 foi adquirido da Invitrogen, como parte da tecnologia Gateway®.

b) Clonagem da sequência de ácido nucléico que codifica os polipeptídeos equivalentes a RAA1 usados nos métodos da invenção

A sequência de ácido nucléico usada nos métodos da invenção foi amplificada pela PCR usando como padrão uma biblioteca de cDNA de mudas de *Oryza sativa* feita de encomenda (em pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, UK). A PCR foi realizada usando Hifi Taq DNA polimerase em condições padrão, usando 200 ng de padrão em uma mistura de PCR de 50 µl. Os iniciadores usados foram prm09129 (SEQ ID NO: 122; sentido, codon de partida em negrito):

5' ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaacaa**tg**tcaggggtttgggtg 3' e

prm09988 (SEQ ID NO: 123; reverso, complementar):

5' ggggaccactttgtacaagaaagctgggttgtcgcataggtcaatttagg 3',

que incluem os sítios AttB para a recombinação de Gateway. O fragmento de PCR amplificado foi purificado usando também métodos padrão. A primeira etapa do procedimento Gateway, a reação BP, foi depois realizada, durante a qual o fragmento de PCR recombina *in vivo* com o plasmídeo pDONR201 para produzir, de acordo com a terminologia Gateway, um "clone de entrada", equivalente a pRAA1. O plasmídeo pDONR201 foi adquirido da Invitrogen, como parte da tecnologia Gateway®.

c) Clonagem de gene da sequência de ácido nucléico que codifica os polipeptídeos SYR

Manipulação de DNA: a menos que de outro modo estabelecido, as técnicas de DNA recombinante são realizadas de acordo com protocolos padrão descritos em (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª Edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nova Iorque) ou nos Volumes 1 e 2 de Ausubel *et al.* (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Os materiais e métodos

padrão para o trabalho molecular vegetal são descritos em Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R. D. D. Croy, publicado pela BIOS Scientific Publications Ltd (UK) e Blackwell Scientific Publications (UK).

O gene SYR de *Oryza sativa* foi amplificado pela PCR usando como padrão uma biblioteca de cDNA de mudas de *Oryza sativa* (Invitrogen, Paisley, UK). Depois da transcrição reversa do RNA extraído das mudas, os cDNAs foram clonados em pCMV Sport 6.0. o tamanho médio do inserto do banco foi de 1,5 kb e o número original de clones foi da ordem de $1,59 \times 10^7$ cfu. O título original foi determinado ser $9,6 \times 10^5$ cfu/ml depois da primeira amplificação de 6×10^{11} cfu/ml. Depois da extração de plasmídeo, 200 ng de padrão foram usados em uma mistura de PCR de 50 µl. Os iniciadores prm08170 (SEQ ID NO: 170; sentido, codon de partida em negrito, sítio AttB1 em itálicos:

5'-*ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaaca***atg**gaaggtgtaggtgctagg-3') e prm08171 (SEQ ID NO: 171; reverso, complementar, sítio AttB2 em itálicos: 5'-*ggggaccactttgtacaagaaagctggg*tcaaaaacaaaaataaattcccc-3'),

que incluem os sítios AttB para a recombinação Gateway, foram usados para a amplificação pela PCR.

A PCR foi realizada usando Hifi Taq DNA polimerase em condições padrão. Um fragmento de PCR do tamanho correto foi amplificado e purificado usando também métodos padrão. A primeira etapa do procedimento Gateway, a reação BP, foi depois realizada, durante o que o fragmento de PCR recombina *in vivo* com o plasmídeo pDONR201 para produzir, de acordo com a terminologia Gateway, um "clone de entrada", pSYR. O plasmídeo pDONR201 foi adquirido da Invitrogen, como parte da tecnologia Gateway®.

<u>d) Clonagem da sequência de ácido nucléico que codifica os polipeptídeos ARKL usados nos métodos da invenção</u>

A sequência de ácido nucléico usado nos métodos da invenção

foi amplificado pela PCR usando como padrão uma biblioteca de cDNA de mudas e panículas de *Oryza sativa* feitas de encomenda (em pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, UK). A PCR foi realizada usando Hifi Taq DNA polimerase em condições padrão, usando 200 ng de padrão em uma mistura de PCR de 50 µl. Os iniciadores usados foram prm04873 (SEQ ID NO: 404; sentido, codon de partida em negrito):

5'-ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaacaatggatgatcacatgggaaga-3' e prm04874 (SEQ ID NO: 405; reverso, complementar):

5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggttttggtttctgaagaagcacc-3,

que incluem os sítios AttB para a recombinação Gateway. O fragmento de PCR amplificado foi purificado usando também métodos padrão. A primeira etapa do procedimento Gateway, a reação BP, foi depois realizada, durante o que o fragmento de PCR recombina *in vivo* com o plasmídeo pDONR201 para produzir, de acordo com a terminologia Gateway, um "clone de entrada", pARKL. O plasmídeo pDONR201 foi adquirido da Invitrogen, como parte da tecnologia Gateway®.

e) Clonagem do ácido nucléico que codifica os polipeptídeos YTP usados nos métodos da invenção

A sequência de ácido nucléico usada nos métodos da invenção foi amplificada pela PCR usando como padrão uma biblioteca de cDNA de muda de *Oryza sativa* feita de encomenda (em pCMV Sport 6.0; Invitrogen, Paisley, UK). A PCR foi realizada usando Hifi Taq DNA polimerase em condições padrão, usando 200 ng de padrão em uma mistura de PCR de 50 µl. Os iniciadores usados foram (SEQ ID NO: 546; sentido, codon de partida em negrito):

5'-ggggacaagtttgtacaaaaaagcaggcttaaacaatggacacgcgtcgt-3' e (SEQ ID NO: 547; reverso, complementar):

5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggtcagcacttgcattagatggat-3',

que incluem os sítios AttB para a recombinação Gateway. O

amplificado fragmento de PCR foi purificado usando também métodos padrão. A primeira etapa do procedimento Gateway, a reação BP, foi depois realizada, durante o que o fragmento de PCR recombina *in vivo* com o plasmídeo pDONR201 para produzir, de acordo com a terminologia Gateway, um "clone de entrada", pENTR-YTP1. O plasmídeo pDONR201 foi adquirido da Invitrogen, como parte da tecnologia Gateway®.

Exemplo 11:

a) Construção de vetor de expressão usando a sequência de ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 1

O clone de entrada que compreende a SEQ ID NO: 1 foi subsequentemente usado em uma reação de LR com um vetor de destinação usado para a transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro das bordas de T-DNA: um marcador vegetal selecionável; um cassete de expressão de marcador triável; e um cassete Gateway intencionado para a recombinação de LR *in vivo* com a sequência de ácido nucléico de interesse já clonado no clone de entrada. Um promotor do arroz de GOS2 (SEQ ID NO: 117) para a expressão constitutiva foi localizado a montante deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação de LR, o vetor de expressão pGOS2::GRF resultante (Figura 4) foi transformada na cepa de Agrobacterium LBA4044 de acordo com os métodos bem conhecidos na técnica.

b) Construção de vetor de expressão usando a sequência de ácido nucléico como representado pela SEQ ID NO: 120

O clone de entrada que compreende a SEQ ID NO: 120 foi depois usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para a transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro das bordas de T-DNA: um marcador selecionável de planta; um cassete de expressão de marcador triável; e um cassete Gateway intencionado

para a recombinação de LR *in vivo* com a sequência de ácido nucléico de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor de GOS2 do arroz (SEQ ID NO: 124) para a expressão constitutiva foi localizada a montante deste cassete Gateway. Em uma forma de realização alternativa, um promotor de HMGP do arroz (SEQ ID NO: 125) para a expressão constitutiva foi localizada a montante do cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão pG0S2::Equivalente a RAA1 resultante (Figura 9), ou pHMGP::Equivalente a RAA1, foi transformado na cepa de *Agrobacterium* LBA4044 de acordo com métodos bem conhecidos na técnica.

c) Construção de vetor de expressão usando a sequência de ácido nucléico que codifica os polipeptídeos SYR

O clone de entrada pSYR foi subsequentemente usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para a transformação de *Oryza sativa*. Este vetor contém como elementos funcionais dentro das bordas de T-DNA: um marcador selecionável de planta; um cassete de expressão de marcador triável; e um cassete Gateway intencionado para a recombinação de LR *in vivo* com a sequência de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor de GOS2 do arroz (SEQ ID NO: 211) para a expressão constitutiva foi localizao a montante deste cassete Gateway. Uma construção de vetor similar foi preparada, mas com o promotor de proteína de grupo de alta mobilidade (HMGP, SEQ ID NO: 200 ou SEQ ID NO: 210) ao invés do promotor GOS.

Depois da etapa de recombinação LR, os vetores de expressão resultantees, pGOS2::SYR (com o promotor de GOS2) e pHMGP::SYR (com o promotor de HMGP), ambos para a expressão de SYR constitutiva (Figura 13) foram transformados na cepa de Agrobacterium LBA4044 e subsequentemente nas plantas de *Oryza sativa*.

d) Construção de vetor de expressão usando a sequência de ácido nucléico

como representada pela SEQ ID NO: 212

O clone de entrada que compreende a SEQ ID NO: 212 foi depois usado em uma reação de LR com um vetor de destinação usado para a transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro das bordas de T-DNA: um marcador selecionável de planta; um cassete de expressão de marcador triável; e um cassete Gateway intencionado para a recombinação de LR *in vivo* com a sequência de ácido nucléico de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor de GOS2 do arroz (SEQ ID NO: 406) para a expressão especifica de raiz foi localizado a montante deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação de LR, o vetor de expressão pGOS2::ARKL resultante (Figura 18) foi transformado na cepa de *Agrobacterium* LBA4044 de acordo com métodos bem conhecidos na técnica.

e) Construção de vetor de expressão usando a sequência de ácido nucléico como representada pela SEQ ID NO: 408

O clone de entrada que compreende a SEQ ID NO: 408 foi depois usado eem uma reação de LR com um vetor de destinação usado para a transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro das bordas de T-DNA: um marcador selecionável de planta; um cassete de expressão de marcador triável; e um cassete Gateway intencionado para a recombinação LR *in vivo* com a sequência de ácido nucléico de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor de GOS2 do arroz (SEQ ID NO: 548) para a expressão especifica de raiz foi localizado a montante deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação de LR, o vetor de expressão pGOS2::YTP1 resultante (Figura 23) foi transformado na cepa de Agrobacterium LBA4044 de acordo com os métodos bem conhecidos na técnica.

Exemplo 12: Transformação de planta

Transformação de Arroz

A *Agrobacterium* contendo o vetor de expressão foi usado para transformar plantas de *Oryza sativa*. Sementes secas maduras do arroz *japonica* cultivar *Nipponbare* foram descascadas. A esterilização foi realizada incubando-se por um minuto em etanol a 70 %, seguido por 30 minutos em $HgCl_2$ a 0,2 %, seguido por uma lavagem de 6 vezes por 15 minutos com água destilada estéril. As sementes estéries foram depois germinadas em um meio contendo 2,4-D (meio de indução de calo). Depois da incubação no escuro por quatro semanas, os calos embriog~enicos, derivados do escutelo foram excisados e propagados no mesmo meio. Depois de duas semanas, os calos foram multiplicados ou propagados pela subcultura no mesmo meio por mais 2 semanas. Os pedaços de calo embriogênicos foram sub-cultivados em meio fresco 3 dias antes do co-cultivo (para reforçar a atividade de divisão celular).

A cepa de *Agrobacterium* LBA4404 contendo cada vetor de expressão individual foi usada independentemente para o co-cultivo. A *Agrobacterium* foi inoculada em meio AB com os antibióticos apropriados e cultivados por 3 dias a 28° C. As bactérias foram depois coletadas e colocadas em suspensão em meio de co-cultivo líquido a uma densidade (OD_{600}) de cerca de 1. A suspensão foi depois transferida a uma placa de petri e os calos imersos na suspensão por 15 minutos. Os tecidos de calo foram depois manchados a seco em um papel de filtro e transferidos para meio solidificado, de co-cultivo e incubados por 3 dias no escuro a 25° C. Os calos co-cultivados foram cultivados em meio contendo 2,4-D por 4 semanas no escuro a 28° C na presença de um agente de seleção. Durante este período, ilhas de calo resistentes quee crescem rapidamente desenvolveram-se. Depois da transferência deste material para um meeio de regeneração e incubação na luz, o potencial embriogênico foi liberado e os brotos desenvolveram-se nas quatro a cinco semanas seguintes. Os brotos foram excisados do calo e

incubados por 2 a 3 semanas em um meio contendo auxina do qual foram transferidos para o solo. Os brotos endurecidos foram cultivados sob alta umidade e dias curtos em uma estufa.

Aproximadamente 35 transformantes do arroz T0 independentes foram gerados para cada construção. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma estufa. Depois de uma análise de PCR quantitativa para verificar o número de cópia do inserto de T-DNA, apenas as plantas transgênicas de cópia única que exibem tolerância ao agente de seleção foram mantidas para a colheita da semente T1. As sementes foram depois colhidas três a cinco meses depois do transplante. O método produziu transformantes de local único a uma taxa de mais de 50 % (Aldemita e Hodges 1996, Chan *et al.* 1993, Hiei *et al.* 1994).

Exemplo 13: Procedimento de Avaliaão Fenotípica

13.1-1 Projeto de avaliação geral

Aproximadamente 35 transformantes do arroz T0 independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos a partir de uma câmara de cultura de tecido para uma estufa para cultivo e colheita de semente T1. Seis eventos, dos quais a progênnie T1 segregou 3:1 quanto a presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 mudas T1 contendo o transgene (hetero- e homo-zigotos) e aproximadamente 10 mudas T1 que carecem do transgene (nulizigotos) foram selecionadas pelo monitoramento visual da expressão do marcador. As plantas transgênicas e os nulizigotos correspondentes foram cultivados lado a lado em posições aleatórias. As condições da estufa foram de dias curtos (12 horas de luz), 28° C na luz e 22° C no escuro, e uma umidade relativa de 70 %.

13.1-2 Projeto de Avaliação para plantas transformadas com SYR sob o controle do promotor GOS2 do arroz ou do promotor de HMGP

Aproximadamente 15 a 20 transformantes do arroz T0

independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma estufa para cultivo e colheita de semente T1. Oito eventos, dos quais a progênie T1 segregou 3:1 quanto a presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 mudas T1 contendo o transgene (hetero- e homozigotos) e aproximadamente 10 mudas T1 que carecem do transgene (nulizigotos) foram selecionadas pelo monitoramento visual da expressão do marcador. As plantas T1 selecionadas foram transferidas para uma estufa. Cada planta recebeu um rótulo de código de barras único para liga de modo não ambíguo os dados fenotípicos com a planta correspondente. As plantas T1 selecionadas foram cultivadas em solo em vasos de diâmetro de 10 cm sob os seguintes ajustes ambientais: fotoperíodo = 11,5 h, intensidade da luz do dia = 30.000 lux ou mais, temperatura diúrna = 28° C ou mais alta, temperatura noturna = 22° C, umidade relativa = 60 a 70 %.

Projeto Geral

A partir do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de uma cabina de formação de imaggem digital. Em cada ponto de tempo imagens digitais (2048 x 1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

Quatro eventos T1 foram ainda avaliados na geração T2 seguindo o mesmo procedimento de avaliação como para a geração T1 mas com mais indivíduos por evento. A partir do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de uma cabina de formação de imagem digital. Em cada ponto de tempo imagens digitais (2048 x 1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

13.2 Análise estatística: teste F

Um ANOVA de dois fators (análise de variantes) foi usado

como um modelo estatístico para a avaliação global de características fenotípicas de planta. Um teste F foi realizado em todos os parâmetros medidos de todas as plantas de todos os eventos transformados com o gene da presente invenção. O teste F foi realizado para checar quanto a um efeito do gene em relação a todos os eventos de transformação e para verificar quanto a um efeito global do gene, também conhecido como um efeito de gene global. O limiar de significância para um efeito de gene global verdadeiro foi ajustado a um nível de probabilidade de 5 % para o teste F. Um valor de teste F significante salienta a um efeito de gene, significando que não é apenas a mera presença ou posição do gene que está causando as diferenças no fenótipo.

Porque dois experimentos com eventos de sobreposição foram realizados, uma análise combinada foi realizada. Isto é útil para checar a compatibilidade dos efeitos em relação aos dois experimentos, e se este for o caso, acumular evidência de ambos os experimentos de modo a aumentar a confiança na conclusão. O método usado foi um método de modelo misto que leva em conta a estrutura de nível múltiplo dos dados (isto é, experimento - evento - segregantes). Os valores P foram obtidos comparando-se o teste da razão de probabilidade com as distrubuições de qui quadrado.

Porque dois experimentos com eventos sobrepostos foram realizados, uma análise combinada foi realizada. Isto é útil para checar a compatibilidade dos efeitos em relação aos dois experimentos, e se este for o case, acumular evidência de ambos os experimentos de modo a aumentar a confiança na conclusão. O método usado foi um método de modelo duplo que leva em conta a estrutura de nível múltiplo dos dados (isto é, experimento - evento - segregantes). Os valores P foram obtidos comparando-se o teste da razão de probabilidade com as distribuições de qui quadrado.

13.3 Parâmetros medidos

Medida de parâmetro relacionado com a biomassa (método

geral)

A partir do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de uma cabina de formação de imagem digital. Em cada ponto de tempo imagens digitais (2048 x 1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

A área acima do solo da planta (ou biomassa folhosa) foi determinada contando-se o número total de pixéis nas imagens digitais da parte de plantas acima do solo discriminada do fundo. Este valor foi calculado em média para as imagens tiradas no mesmo ponto de tempo dos ângulos diferentes e foi convertido a um valor de superfície física expressado em mm quadrado pela calibração. Os experimentos mostram que a área de planta acima do solo medida deste modo correlaciona-se com a biomassa de parte de plantas acima do solo. A área acima do solo é a área medida n ponto de tempo no qual a planta atingiu a sua biomassa folhosa máxima. O vigor inicial é a área acima do solo de planta (mudas) três semanas após a germinação. O aumento na biomassa de raiz é expressada como um aumento na biomassa de raiz total (medida como biomassa máxima de raízes observadas durante o período de vida de uma planta); ou como um aumento no índice de raiz/broto (medido como a razão entre a massa de raiz e a massa de broto no período de crescimento ativo de raiz e broto).

O vigor inicial foi determinado contando-se o número total de pixéis de partes de planta acima do solo discriminadas do fundo. Este valor foi calculado em média para as imagens tiradas no mesmo ponto de tempo de ângulos diferentes e foi convertido a um valor de superfície física expressado em mm quadrado pela calibração. Os resultados descritos abaixo são para plantas três semanas após a germinação.

Medidas de parâmetro relacionado com semente (método geral)

Os panículos primários maduros foram colhidos, contados, ensacados, rotulados com código de barras e depois secados por três dias em uma estufa a 37° C. Os panículos foram depois debulhados e todas as sementes foram coletadas e contadas. As cascas cheias foram separadas das vazias usando um dispositivo soprador de ar. As cascas vazias foram descartadas e a fração remanescente foi mais uma vez contada. As cascas cheias foram pesadas em uma balança analítica. O número de sementes cheias foi determinado contando-se o número de cascas cheias que permaneceram depois da etapa de separação. O peso de semente total por planta foi medido pesando-se todas as cascas cheias colhidas de uma planta. O número de semente total por planta foi medido contando-se o número de cascas colhidas de uma planta. O Peso de Mil Grãos (TKW) é extrapolado do número de sementes cheias contadas e seu peso total. O índice de colheita (HI) na presente invenção é definido como a razão entre o peso de semente total por planta e a área acima do solo (mm^2), multiplicada por um fator de 10^6. O número total de flores por panículo como definido na presente invenção é a razão entre o número total de sementes e o número de panículos primários maduros. A taxa de enchimento de semente como definida na presente invenção é a proporção (expressada como um (Y0) do número de semente cheias em relação ao número total de sementes (ou flósculos).

Triagem da eficiência no uso de nitrogênio (para plantas transformadas com SYR)

As plantas de arroz de sementes T2 foram cultivadas em solo de vaso sob condições normais exceto quanto a solução de nutriente. Os vasos foram regados do transplante até a maturação com uma solução de nutriente especifica contendo teor de nitrogênio N (N) reduzido, usualmente entre 7 a 8 vezes menos. O resto do cultivo (maturação de planta, colheita de semente) foi o mesmo como para as plantas não cultivadas sob estresse abiótico. Os parâmetros de cultivo e rendimento são registrados como detalhado para o

cultivo sob condições normais.

Triagem de estresse pela seca (para plantas transformadas com SYR)

As plantas de arroz de T1, T2 ou outras gerações foram cultivadas em solo de vaso sob condições normais até que se aproximassem do estágio de formação de cabeça. Estas foram depois transferidas a uma seção "seca" onde a irrigação foi retida. Sondas de umidade foram inseridas em vasos aleatoriamente escolhidos para monitorar o teor de água do solo (SWC). Quando SWC foi abaixo de certos limiares, as plantas foram automaticamente regadas continuamente até que um nível normal fosse mais uma vez atingido. As plantas foram depois re-transferidas mais uma vez às condições normais. O resto do cultivo (maturação de planta, colheita de semente) foi a mesma como para plantas não cultivadas sob condições de estresse abiótico. Os parâmetros de cultivo e rendimento foram registrados como detalhado para o cultivo sob condições normais. As condições de seca aplicadas foram "condições de seca severas" como definido acima.

Exemplo 14: Resultados da avaliação fenotípica das plantas de arroz transgênicas que expressam a sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2

Os resultados da avaliação de plantas de arroz transgênicas que expressam a sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2, sob o controle do promotor de GOS2 para a expressão constitutiva, e cultivadas sob condições de cultivo normais, são apresentadas abaixo.

Houve um aumento significante no vigor inicial, na biomassa acima do solo, no rendimento de semente total por planta, na taxa de enchimento de semente, no índice de colheita, e no Peso de Mil Grãos (TKW) das plantas transgênicas comparadas com os nulizigotos correspondentes (controles), como mostrado na Tabela G.

Tabela G: Resultados da avaliação de plantas de arroz transgênicas que expressam a sequência de ácido nucléico que codifica um polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2, sob o controle do promotor de GOS2 para a expressão constitutiva.

Traço	Aumento % Médio Global em 6 Eventos na geração T1
Biomassa acima do solo	2 %
Vigor Inicial	13 %
Rendimento de semente total por planta	12 %
Taxa de enchimento de semente	5 %
Índice de colheita	11 %
TKW	11 %

Exemplo 15:

a) Resultados da avaliação fenotípica das plantas de arroz transgênicas que expressam sequências de ácido nucléico que codificam outros polipeptídeos GRF

As plantas de arroz transgênicas foram geradas, independentemente de expressar as sequências de ácido nucléico que codificam outros polipeptídeos GRF, como mostrado na Tabela H abaixo, sob o controle do promotor de GOS2 para a expressão constitutiva.

Houve um aumento no Peso de Mil Grãos (TKW) das sementes de plantas transgênicas comparadas com os nulizigotos correspondentes (controles), para as três construções. Este aumento foi menos pronunciado do que para as sementes de plantas transgênicas que expressam a sequência de ácido nucléico que codifica o polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2.

Tabela H: Outro ácido nucléico GRF e sequências de polipeptídeo testadas em plantas de arroz transgênico, sob o controle do promotor de GOS2 para a expressão constitutiva.

polipeptídeo GRF testado	Ácido nucléico SEQ ID NO	Polipeptídeo SEQ ID NO
AT4G37740	SEQ ID NO: 15	SEQ ID NO: 16
AT2G36400	SEQ ID NO: 7	SEQ ID NO: 8
AT2G22840	SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 6

b) Resultados da avaliação fenotípica das plantas transgênicas que expressam

um ácido nucléico equivalente a RAM

Os resultados da avaliação de plantas de arroz transgênicos que expressam um ácido nucléico equivalente a RAA1 sob o controle de um promotor constitutivo (seja GOS2 ou HMGP) sob condições não estressantes foram como segue: um aumento de pelo menos 2 % foi observado para o Peso de Mil Grãos e um aumento de mais do que 5 % foi observado quanto a pelo menos um dos seguintes parâmetros: índice de raiz/broto, biomassa de raiz total, flores por panículo. Também sob condições de disponibilidade de nitrogênio reduzida, um aumento foi observado em um ou mais de: biomassa de raiz, altura, e índice de verdura.

c1) Medida de parâmetros relacionados com o rendimento para transformantes pGOS2::SYR cultivados sob condições de deficiência de nutriente:

Na análise das sementes como descrita acima, os inventores descobriram que as plantas transformadas com a construção de gene pGOS2::SYR e cultivadas sob estresse de deficiência de nutriente, tivveram um rendimento de semente mais alto, expressado como número de sementes cheias (aumento de mais do que 5 %), peso total de sementes (aumento de mais do que 5 %) e TKW (aumento de mais do que 2,5 %), comparadas com as plantas que carecem do transgene SYR. Também foi observado um aumento na biomassa de broto (mais do que 5 %) e biomassa de raiz (diversas linhagens maiores do que 5 %).

c2) medida de parâmetros relacionados com o rendimento para transformantes pGOS2::SYR cultivados sob condições de estresse severo pela seca:

Na análise das sementes como descrita acima, os inventores descobriram que as plantas transformadas com a construção de gene pGOS2::SYR e cultivadas sob estresse severo pela seca, tiveram um rendimento de semente mais alto, expressado como peso total de sementes (aumento de mais do que 5 %), taxa de enchimento (aumento de mais do que

5 %) e índice de colheita (aumento de mais do que 5 %), comparada com as plantas que carecem do transgene SYR.

d) Resultados da avaliação fenotípica das plantas transgênicas que expressam o ácido nucléico Orysa-ARKL1

Os resultados da avaliação de plantas do arroz transgênicas que expressam o ácido nucléico Orysa-ARKL1 sob condições não estressantes são apresentadas abaixo. Um aumento de pelo menos 5 % foi observado quanto o vigor de emergência (vigor inicial), rendimento de semente total, número de sementes cheias, Peso de Mil Grãos e índice de colheita, e de 3 % para o Peso de Mil Grãos.

Tabela I. Resultados da avaliação fenotípica.

Traço	% de aumento em plantas transgênicas/controle sob condições não estressantes
Rendimento de semente total	11
Númeroof sementes filled	8
TKW	3
Vigor inicial	11
Índice de colheita	6

As plantas de arroz transgênicas que expressam o ácido nucléico Orysa-ARKL1 foram também avaliadas sob condições de estresse pela seca como descrito acima. Os mesmos parâmetros (aumento no rendimento de semente, número de sementes cheias, vigor inicial e índice de colheita) também foram aumentadas em plantas transgênicas versus a planta de controle correspondente, embora a um grau mais baixo.

e) Resultados da avaliação fenotípica das plantas transgênicas que expressam um ácido nucléico YTP1

Os resultados da avaliação de plantas de arroz transgênicas que expressam um ácido nucléico YTP1 sob condições não estressantes são apresentados abaixo. Um aumento de pelo menos 5 % foi observado para o rendimento de semente total, taxa de enchimento de semente, número de

flores por panículo, índice de colheita, e 2 % para o Peso de Mil Grãos.

Os resultados da avaliação de plantas de arroz transgênicas que expressam um ácido nucléico YTP1 sob condições não estressantes são apresentados aqui abaixo. Um aumento foi observado para o peso de semente total, número de sementes cheias, taxa de enchimento, índice de colheita e peso de mil grãos (Tabela J).

Tabela J. Resultados da avaliação fenotípica.

Traço relacionado com o rendimento	% de aumento nas plantas transgênicas com respeito às de controle
Peso de semente total	10
Taxa de enchimento de semente	6
Flores por panículo	7
Índice de colheita	12
Peso de Mil Grãos	2

Exemplo 16: Exemplos de transformação de outras safras

Transformação de milho

A transformação de milho (*Zea mays*) é realizada com uma modificação do método descrito por Ishida *et al.* (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. A transformação é dependente de genótipo no milho e apenas genótipos específicos são passíveis de transformação e regeneração. A linhagem congênita A188 (University of Minnesota) ou híbridos com A188 como um precursor são boas fontes de material doador para a transformação, mas outro genótipos também podem ser usados com êxito. As espigas são colhidas da planta de milho aproximadamente 11 dias depois da polinização (DAP) quando o comprimento do embrião imaturo é de cerca de 1 a 1,2 mm. os embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e as plantas transgênicas são recuperadas através da organogênese. Os embriões excisados são cultivados no meio de indução de calo, depois no meio de regeneração de milho, contendo o agente de seleção (por exemplo imidazolinona mas vários marcadores de seleção podem ser usados). As placas de Petri são incubadas na luz a 25° C por 2 a 3 semanas, ou até que os brotos se desenvolvam. Os brotos verdes são

transferidos de cada embrião para oo meio de enraizamento de milho e incubados a 25° C por 2 a 3 semanas, até que as raízes se desenvolvam. Os brotos enraizados são transplantados para o solo na estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contêm uma única cópia do inserto de T-DNA.

Transformação de Trigo

A transformação de trigo é realizada com o método descrito por Ishida *et al.* (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. O cultivar *Bobwhite* (disponível da CIMMYT, Mexico) é habitualmente usado na transformação. Embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e plantas transgênicas são recuperadas através da organogênese. Depois da incubação com *Agrobacterium*, os embriões são cultivados *in vitro* em meio de indução de calo, depois meio de regeneração, contendo o agente de seleção (por exemplo imidazolinona mas vários marcadores de seleção podem ser usados). As placas de Petri são incubadas na luz a 25° C por 2 a 3 semanas, ou até que os brotos se desenvolvam. Os brotos verdes são transferidos de cada embrião para o meio de enraizamento e incubados a 25° C por 2 a 3 semanas, até que as raízes se desenvolvam. Os brotos enraizados são transplantados para o solo na estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contêm uma única cópia do inserto de T-DNA.

Transformação da soja

A soja é transformada de acordo com uma modificação do método descrito na patente US 5.164.310 da Texas A&M. Diversas variedades de soja comerciais são passíveis de transformação por este método. O cultivar Jack (disponível da Illinois Seed Foundation) é habitualmente usado para a transformação. As sementes de soja são esterilizadas para a semeadura *in vitro*. O hipocotilo, o radículo e um cotilédone são excisados das mudas jovens de sete dias de idade. O epicótilo e

o cotilédone remanescente são anida cultivados para desenvolver nodos axilares. Estes nodos axilares são excisados e incubados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão. Depois do tratamento de co-cultivo, os explantes são lavados e transferidos para meio de seleção. Os brotos regenerados são excisados e colocados em meio de alongamento de broto. Vrotos não maiores do que 1 cm são colocados em meio de enraizamento até que as raízes se desenvolvam. Os brotos enraizados são transplantados para o solo na estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contenha uma única cópia do inserto de T-DNA.

Transformação de Colza/Canola

Os pecíolos cotiledonários e hipocotilos de mudas jovens de 5 a 6 dias de idade são usados como explantes para a cultura de tecido e transformados de acordo com Babic *et al.* (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). O cultivar comercial Westar (Agriculture Canada) é a variedade padrão usada para a transformação, mas outras variedades também podem ser usadas. As sementes de canola são esterilizadas na superfície para a semeadura *in vitro*. Os explantes de pecíolo cotiledonário com o cotilédone ligado são excisados das mudas *in vitro*, e inoculados com *Agrobacterium* (contendo o vetor de expressão) pela imersão da extremidade de corte do explante do pecíolo na suspensão bacteriana. Os explantes são depois cultivados por 2 dias em meio MSBAP-3 contendo 3 mg/l de BAP, 3 % de sacarose, 0,7 % de Phytagar a 23° C, 16 horas de luz. Depois de dois dias de co-cultivo com *Agrobacterium*, os explantes de pecíolo são transferidos para o meio MSBAP-3 contendo 3 mg/l de BAP, cefotaxima, carbenicilina, ou timentina (300 mg/l) por 7 dias, e depois cultivados em meio MSBAP-3 com cefotaxima, carbenicilina, ou timentina e agente de seleção até a regeneração de broto. Quando os brotos tem de 5 a 10 mm no comprimento, eles são cortados e transferidos para meio de alongamento (MSBAP-0,5, contendo 0,5 mg/l de BAP). Os brotos de cerca

de 2 cm no comprimento são transferidos para o meio de enraizamento (MS0) para a indução de raiz. Os brotos enraizados são transplantados para o solo na estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contém uma única cópia do inserto de T-DNA.

Transformação de Alfafa

Um clone de regeneração de alfafa (*Medicago sativa*) é transformado usando o método de (McKersie *et al*., 1999 Plant Physiol 119: 839-847). A regeneração e transformação de alfafa é dependente de genótipo e portanto uma planta de reneração é requerida. Os métodos para se obter plantas de regeneração foram descritos. Por exemplo, estas podem ser selecionadas do cultivar *Rangelander* (Agriculture Canada) ou qualquer outra variedade de alfafa comercial como descrito por Brown DCW e A Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111-112). Alternativamente, a variedade RA3 (University of Wisconsin) foi selecionada para o uso em cultura de tecido (Walker *et al*., 1978 Am J Bot 65: 654-659). Os explantes de peciolo são co-cultivados com uma cultura durante a noite de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie *et al*., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) ou LBA4404 contendo o vetor de expressão. Os explantes são co-cultivados por 3 dias no escuro em meio de indução SH contendo 288 mg/L de Pro, 53 mg/L de tioprolina, 4,35 g/L de K_2SO_4, e 100 μm de acetoseringinona. Os explantes são lavados em meio de Murashige-Skoog na metade da concentração (Murashige e Skoog, 1962) e plaqueados no mesmo meio de indução de SH sem acetoseringinona mas com um agente de seleção adequado e antibiótico adequado para inibir o crescimento de *Agrobacterium*. Depois de diversas semanas, embriões somáticos são transferidos para meio de desenvolvimento BOi2Y que não conteve nenhum dos reguladores de crescimento, nenhuum dos antibióticos, e 50 g/L de sacarose. Os embriões somáticos são subsequentemente germinados em meio de Murashige-Skoog

na metade da concentração. As mudas enraizadas foram transplantadas em vasos e cultivados em uma estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contém uma única cópia do inserto de T-DNA.

Transformação de algodão

A transformação de algodão (*Gossypium hirsutum L.*) é realizada usando *Agrobacterium tumefaciens*, em explantes de hipocotilos. Os cultivares comerciais tais como Coker 130 ou Coker 312 (SeedCo, Lubbock, TX) são variedades padrão usadas para a transformação, mas outras variedades também podem ser usadas. As sementes são esterilizadas na superfície e germinadas no escuro. Os explantes de hipocotilo são cortados das mudas germinadas até comprimentos de cerca de 1 a 1,5 centímetro. O explante de hipocotilo é submerso em inóculo de *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, por 5 minutos depois de co-cultivados por cerca de 48 horas em MS + 1,8 mg/l de KNO_3 + 2 % de glicose a 24° C, no escuro. Os explantes são transferidos ao mesmo meio contendo marcadores bacterianos e de planta selecionáveis apropriados (renovado diversas vezes), até que os calos embriogênicos são observados. Os calos são separados e subcultivados até que embriões somáticos aparecem. As plantinhas derivadas dos embriões somáticos são maduros no meio de enraizamento até que as raízes se desenvolvam. Os brotos enraizados são transplantados para o solo de vaso na estufa. As sementes T1 são produzidas a partir de plantas que exibem tolerância ao agente de seleção e que contém uma única cópia do inserto de T-DNA.

Exemplo 17: Exemplos de triagens de estresse abiótico

Triagem de Seca

As plantas de um número selecionado de eventos são cultivadas em solo de vaso sob condições normais até que elas se aproximem do estágio do cabeçalho. Eles são depois transferidos a uma seção "seca"

onde a irrigação é contida. As sondas de umidade são inseridas em vasos aleatoriamente escolhidos para monitorar o teor de água do solo (SWC). Quando SWC vai abaixo de certos limiares, as plantas são automaticamente regadas continuamente até que um nível normal seja novamente atingido. As plantas são depois re-transferidas para condições normais. O resto do cultivo (maturação de planta, colheita de semente) é o mesmo como para plantas não cultivadas sob condições de estresse abiótico. Os parâmetros de cultivo e rendimento são registrados como detailhado para o cultivo sob as condições normais.

Triagem de estresse salino

As plantas são cultivadas em um substrato fabricado de fibras de coco e argex (razão de 3 para 1). Uma solução de nutriente normal é usada durante as primeiras duas semanas depois de transplantar as plantinhas na estufa. Depois das primeiras duas semanas, 25 mM de sal (NaCl) são adicionados à solução nutriente, até que as plantas fossem colhidas. Os parâmetros de cultivo e rendimento são registrados como detalhado para o cultivo sob condições normais.

Triagem de disponibilidade de nutriente (nitrogênio) reduzida

Plantas de seis eventos (sementes T2) são cultivadas em solo de vaso sob condições normais exceto quanto a solução nutriente. Os vasos são regados do transplante até a maturação com uma solução nutriente específica contendo teor de nitrogênio N reduzido (N), usualmente entre 7 a 8 vezes menos. O resto do cultivo (maturação de planta, colheita de semente) é a mesma como para plantas não cultivadas sob estresse abiótico. Os parâmetros de cultivo e rendimento são registrados como detalhado para o cultivo sob condições normais.

REIVINDICAÇÕES

1. Método para aumentar características relacionadas com o rendimento em plantas em relação às plantas de controle, caracterizado pelo fato de que compreende modular a expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de:

- polipeptídeo do Fator Regulador do Crescimento (GRF),
- polipeptídeo equivalente a RAA1,
- polipeptídeo SYR
- polipeptídeo ARKL.
- e
- polipeptídeo YTP

e opcionalmente selecionar quanto a plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentado.

2. Método de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que:

- o dito polipeptídeo GRF compreende:

(i) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da sequência de aminoácido a um domínio QLQ como representado pela SEQ ID NO: 115; e

(ii) um domínio tendo pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da sequência de aminoácido a um domínio WRC como representado pela SEQ ID NO: 116,

- o dito polipeptídeo equivalente a RAA1 compreende dois ou mais dois seguintes motivos:

(iii) motivo 1: GVW(V/L)F (SEQ ID NO: 162),

(iv) motivo 2: LGW(E/S)RY(Y/F) (SEQ ID NO: 163),

(v) motivo 3: (D/H)L(L/I)S(IN/L)P(R/K/A)(S/D)F (SEQ ID NO: 164),

(vi) motivo 4: (H/Y)(F/M)YD(V/I)VVK(N/T)(R/P) (SEQ ID NO: 165),

- o dito polipeptídeo SYR compreende um domínio rico em leucina, precedido pelo motivo 1 de tripeptídeo conservado (uma da SEQ ID NO: 173, 174, 175 ou 176) e seguido pelo motivo 2 conservado (SEQ ID NO: 177),

- o dito polipeptídeo ARKL compreende um ou mais dos seguintes domínios:

(vii) um domínio ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 400 ou um domínio tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade da sequência a um ou mais dos domínios ZfC3H2C3 como representado pela SEQ ID NO: 306 até a SEQ ID NO. 351; e

(viii) um domínio DAR1 tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou mais de identidade da sequência a um ou mais dos domínios PfamB2828 como representado pela SEQ ID NO: 35 até a SEQ ID NO: 398.

- e

- o dito polipeptídeo YTP compreende

(ix) pelo menos um domínio de transmembrana e

(x) pelo menos uma porção de um domínio DUF221 e opcionalmente selecionar quanto a plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentado.

3. Método de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que o dito polipeptídeo GRF compreende: (i) um domínio QLQ com um acesso InterPro IPR014978 (acesso PFAM PF08880); (ii) um domínio WRC com um acesso InterPro IPR014977 (acesso PFAM PF08879); e (iii)

um domínio Efetor de Transcrição (ET) que compreende três resíduos Cys e um His em um espaçamento conservado (CX9CX10CX2H).

4. Método de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que o dito polipeptídeo GRF tem em ordem crescente de preferência pelo menos 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % ou mais de identidade da sequência de aminoácido com o polipeptídeo GRF como representado pela SEQ ID NO: 2 ou a qualquer uma das sequências de polipeptídeo dadas na Tabela A aqui contida.

5. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo GRF é representada por qualquer uma das sequências de ácido nucleico SEQ ID NOs dadas na Tabela A ou uma porção destas, ou uma sequência capaz de hibridizar com por qualquer uma das sequências de ácido nucleico SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

6. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita sequência de ácido nucleico codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das sequências de polipeptídeo SEQ ID NOs dadas na Tabela A.

7. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita expressão aumentada é efetuada por qualquer uma ou mais de: rotulação da ativação de T-DNA, TILLING, ou recombinação homóloga.

8. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita expressão aumentada é efetuada pela introdução e expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo GRF.

9. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita característica relacionada com o rendimento aumentada é um ou mais de: (i) vigor inicial aumentado;

(ii) biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; ou (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW).

10. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita sequência de ácido nucleico é operavelmente ligada a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor constitutivo de planta, mais preferivelmente a um promotor de GOS2, mais preferivelmente a um promotor de GOS2 do arroz como representado pela SEQ ID NO: 117.

11. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações precedentes, caracterizado pelo fato de que a dita sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo GRF é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família *Brassicaceae*, mais preferivelmente da *Arabidopsis thaliana*.

12. Plantas, partes das mesmas (incluindo sementes), ou células de planta obteníveis por um método como definido em qualquer uma das reivindicações precedentes, as ditas plantas, partes ou células das mesmas caracterizadas pelo fato de que compreendem um transgene de ácido nucleico isolado que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de:

- polipeptídeo do Fator Regulador do Crescimento (GRF),
- polipeptídeo equivalente a RAA1,
- polipeptídeo SYR
- polipeptídeo ARKL.
- e
- polipeptídeo YTP

operavelmente ligado a um promotor constitutivo de planta.

13. Construção, caracterizada pelo fato de que compreende:

(a) Uma sequência de ácido nucleico que codifica um

polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP de acordo com qualquer uma das reivindicações de 1 a 6;

(b) uma ou mais sequências de controle capazes de direcionar a expressão da sequência de ácido nucleico de (a); e opcionalmente

(c) uma sequência de terminação de transcrição.

14. Construção de acordo com a reivindicação 13, caracterizada pelo fato de que a dita sequência de controle é um promotor constitutivo de planta, preferivelmente um promotor de GOS2, mais preferivelmente um promotor de GOS2 como representado pela SEQ ID NO: 117.

15. Uso de uma construção como definida nas reivindicações 13 ou 14, caracterizado pelo fato de ser em um método para fabricar plantas tendo características relacionadas com o rendimento aumentado em relação às plantas de controle, características relacionadas com o rendimento aumentado estas que são uma ou mais de: (i) vigor inicial aumentado; (ii) biomassa aumentada, preferivelmente biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW), (vii) resistência ao estresse abiótico aumentada, preferivelmente tolerância ao estresse de seca aumentada, ou (viii) eficiência de captação de nutriente aumentada.

16. Planta, parte de planta ou célula de planta, caracterizada pelo fato de que é transformada com uma construção como definida na reivindicação 13 ou 14.

17. Método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas com o rendimento aumentado em relação às plantas de controle, caracterizado pelo fato de que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta, parte de planta, ou

célula de planta, uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e YTP de acordo com qualquer uma das reivindicações de 1 a 6, sob o controle de promotor constitutivo de planta; e

(ii) cultivar a célula de planta, parte de planta, ou planta sob condições que promovam o crescimento e desenvolvimento da planta.

18. Planta transgênica, caracterizada pelo fato de que tem características relacionadas com o rendimento aumentado em relação às plantas de controle, que resultam da expressão aumentada de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP de acordo com qualquer uma das reivindicações de 1 a 6, operavelmente ligados a um promotor constitutivo de planta, ou uma célula de planta transgênica ou parte de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

19. Planta transgênica de acordo com as reivindicações 12, 16 ou 18, caracterizada pelo fato de que a dita planta é uma planta de safra ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, painço, centeio, triticale, sorgo e aveia, ou uma célula de planta transgênica derivada da dita planta transgênica.

20. Partes colhíveis, caracterizadas pelo fato de que compreendem uma sequência de ácido nucleico isolada que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP de uma planta de acordo com a reivindicação 18, em que as ditas partes colhíveis são preferivelmente sementes.

21. Produtos, caracterizados pelo fato de que são derivados de uma planta como definida na reivindicação 18 e/ou de partes colhíveis de uma

planta como definida na reivindicação 20.

22. Uso de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP como definido em qualquer uma das reivindicações de 1 a 6, caracterizado pelo fato de ser em características relacionadas com o rendimento crescentes, que compreendem um ou mais de: (i) vigor inicial aumentado; (ii) biomassa acima do solo aumentada; (iii) rendimento de semente total aumentado por planta; (iv) taxa de enchimento de semente aumentada; (v) índice de colheita aumentado; ou (vi) peso de mil sementes aumentado (TKW), (vii) resistência ao estresse abiótico aumentada, preferivelmente tolerância ao estresse de seca aumentada, ou (viii) eficiência de captação de nutriente aumentada.

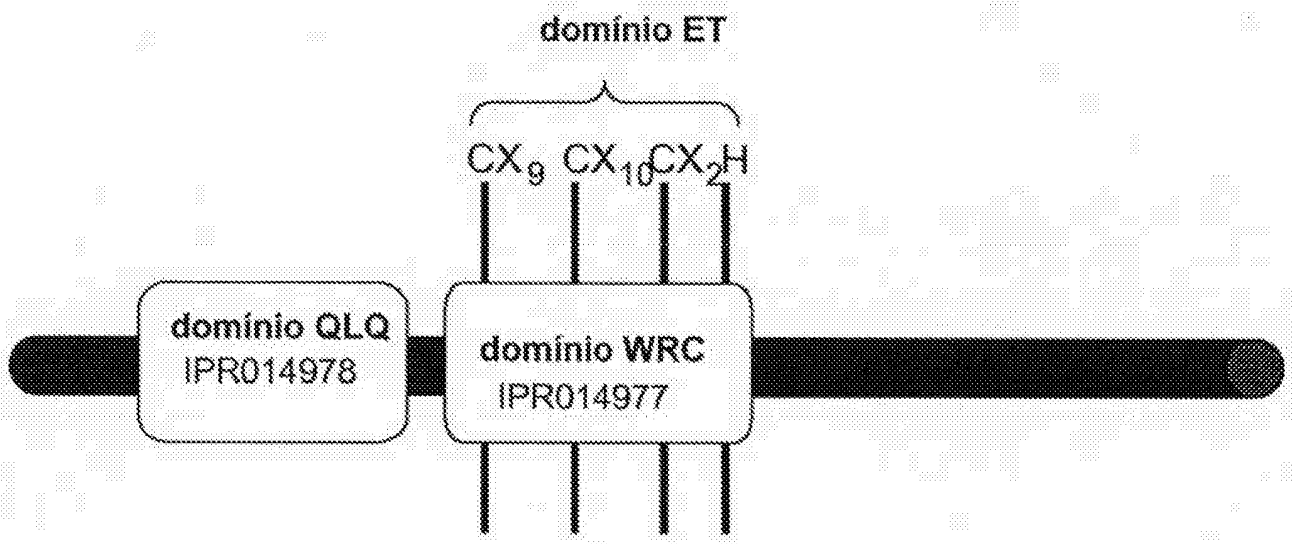

domínio ET
CX9 CX10 CX2H
domínio QLQ
IPR014978
domínio WRC
IPR014977

FIGURA 1

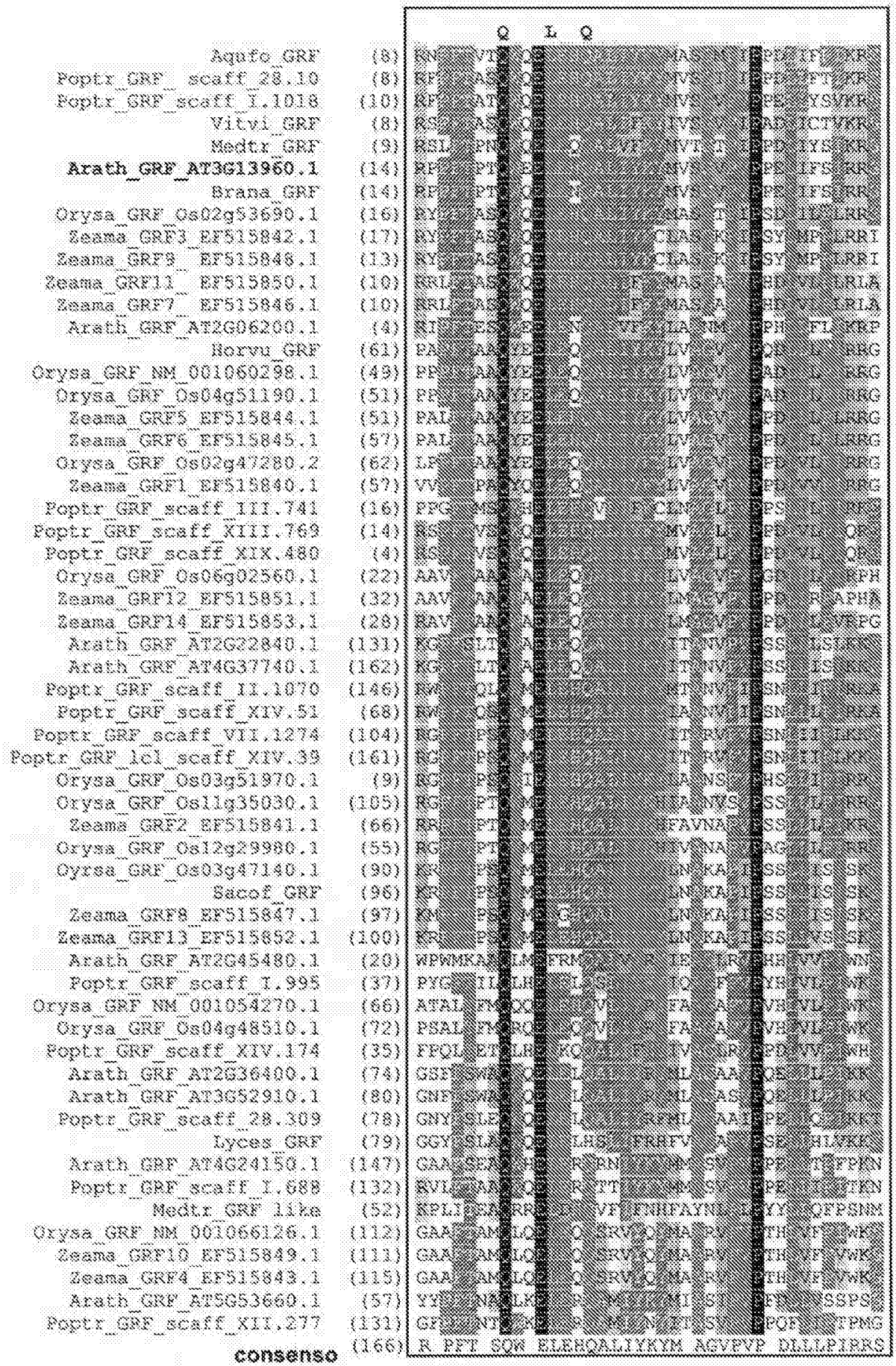

Aqufo_GRF (8)
Poptr_GRF_ scaff_28.10 (8)
Poptr_GRF_scaff_I.1018 (10)
Vitvi_GRF (8)
Medtr_GRF (9)
Arath_GRF_AT3G13960.1 (14)
Brana_GRF (14)
Orysa_GRF_Os02g53690.1 (16)
Zeama_GRF3_EF515842.1 (17)
Zeama_GRF9_ EF515848.1 (13)
Zeama_GRF11_ EF515850.1 (10)
Zeama_GRF7_ EF515846.1 (10)
Arath_GRF_AT2G06200.1 (4)
Horvu_GRF (61)
Orysa_GRF_NM_001060298.1 (49)
Orysa_GRF_Os04g51190.1 (51)
Zeama_GRF5_EF515844.1 (51)
Zeama_GRF6_EF515845.1 (57)
Orysa_GRF_Os02g47280.2 (62)
Zeama_GRF1_EF515840.1 (57)
Poptr_GRF_scaff_III.741 (16)
Poptr_GRF_scaff_XIII.769 (14)
Poptr_GRF_scaff_XIX.480 (4)
Orysa_GRF_Os06g02560.1 (22)
Zeama_GRF12_EF515851.1 (32)
Zeama_GRF14_EF515853.1 (28)
Arath_GRF_AT2G22840.1 (131)
Arath_GRF_AT4G37740.1 (162)
Poptr_GRF_scaff_II.1070 (146)
Poptr_GRF_scaff_XIV.51 (68)
Poptr_GRF_scaff_VII.1274 (104)
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.39 (161)
Orysa_GRF_Os03g51970.1 (9)
Orysa_GRF_Os11g35030.1 (105)
Zeama_GRF2_EF515841.1 (66)
Orysa_GRF_Os12g29980.1 (55)
Oyrsa_GRF_Os03g47140.1 (90)
Sacof_GRF (96)
Zeama_GRF8_EF515847.1 (97)
Zeama_GRF13_EF515852.1 (100)
Arath_GRF_AT2G45480.1 (20)
Poptr_GRF_scaff_I.995 (37)
Orysa_GRF_NM_001054270.1 (66)
Orysa_GRF_Os04g48510.1 (72)
Poptr_GRF_scaff_XIV.174 (35)
Arath_GRF_AT2G36400.1 (74)
Arath_GRF_AT3G52910.1 (80)
Poptr_GRF_scaff_28.309 (78)
Lyces_GRF (79)
Arath_GRF_AT4G24150.1 (147)
Poptr_GRF_scaff_I.688 (132)
Medtr_GRF like (52)
Orysa_GRF_NM_001066126.1 (112)
Zeama_GRF10_EF515849.1 (111)
Zeama_GRF4_EF515843.1 (115)
Arath_GRF_AT5G53660.1 (57)
Poptr_GRF_scaff_XII.277 (131)
consenso (166)

FIGURA 2


Aqufo_GRF (71)
Poptr_GRF_scaff_28.10 (78)
Poptr_GRF_scaff_I.1018 (76)
Vitvi_GRF (74)
Medtr_GRF (75)
Arath_GRF_AT3G13960.1 (80)
Brana_GRF (80)
Orysa_GRF_Os02g53690 (89)
Zeama_GRF3_EF515842.1 (89)
Zeama_GRF9_EF515848.1 (88)
Zeama_GRF11_EF515850.1 (84)
Zeama_GRF7_EF515846.1 (86)
Arath_GRF_AT2G06200.1 (79)
Horvu_GRF (123)
Orysa_GRF_NM_001060298.1 (111)
Orysa_GRF_Os04g51190.1 (113)
Zeama_GRF5_EF515844.1 (108)
Zeama_GRF6_EF515845.1 (113)
Orysa_GRF_Os02g47280.2 (124)
Zeama_GRF1_EF515840.1 (119)
Poptr_GRF_scaff_III.741 (78)
Poptr_GRF_scaff_XIII.769 (76)
Poptr_GRF_scaff_XIX.480 (66)
Orysa_GRF_Os06g02560.1 (96)
Zeama_GRF12_EF515851.1 (103)
Zeama_GRF14_EF515853.1 (100)
Arath_GRF_AT2G22840.1 (195)
Arath_GRF_AT4G37740.1 (226)
Poptr_GRF_scaff_II.1070 (216)
Poptr_GRF_scaff_XIV.51 (138)
Poptr_GRF_scaff_VII.1274 (175)
Poptr_GRF_scaff_XIV.39 (232)
Orysa_GRF_Os03g51970.1 (75)
Orysa_GRF_Os11g35030.1 (157)
Zeama_GRF2_EF515841.1 (126)
Orysa_GRF_Os12g29960.1 (126)
Oyrsa_GRF_Os03g47140.1 (150)
Saccf_GRF (155)
Zeama_GRF8_EF515847.1 (156)
Zeama_GRF13_EF515852.1 (159)
Arath_GRF_AT2G45480.1 (86)
Poptr_GRF_scaff_I.995 (110)
Orysa_GRF_NM_001054270.1 (134)
Orysa_GRF_Os04g48510.1 (139)
Poptr_GRF_scaff_XIV.174 (108)
Arath_GRF_AT2G36400.1 (143)
Arath_GRF_AT3G52910.1 (150)
Poptr_GRF_scaff_28.309 (149)
Lyces_GRF (155)
Arath_GRF_AT4G24150.1 (242)
Poptr_GRF_scaff_I.688 (193)
Medtr_GRF like (104)
Orysa_GRF_NM_001066126.1 (179)
Zeama_GRF10_EF515849.1 (178)
Zeama_GRF4_EF515843.1 (182)
Arath_GRF_AT5G53660.1 (106)
Poptr_GRF_scaff_XII.277 (180)
consenso (261)
$CX_9CX_{10}CX_2H$

FIGURA 3

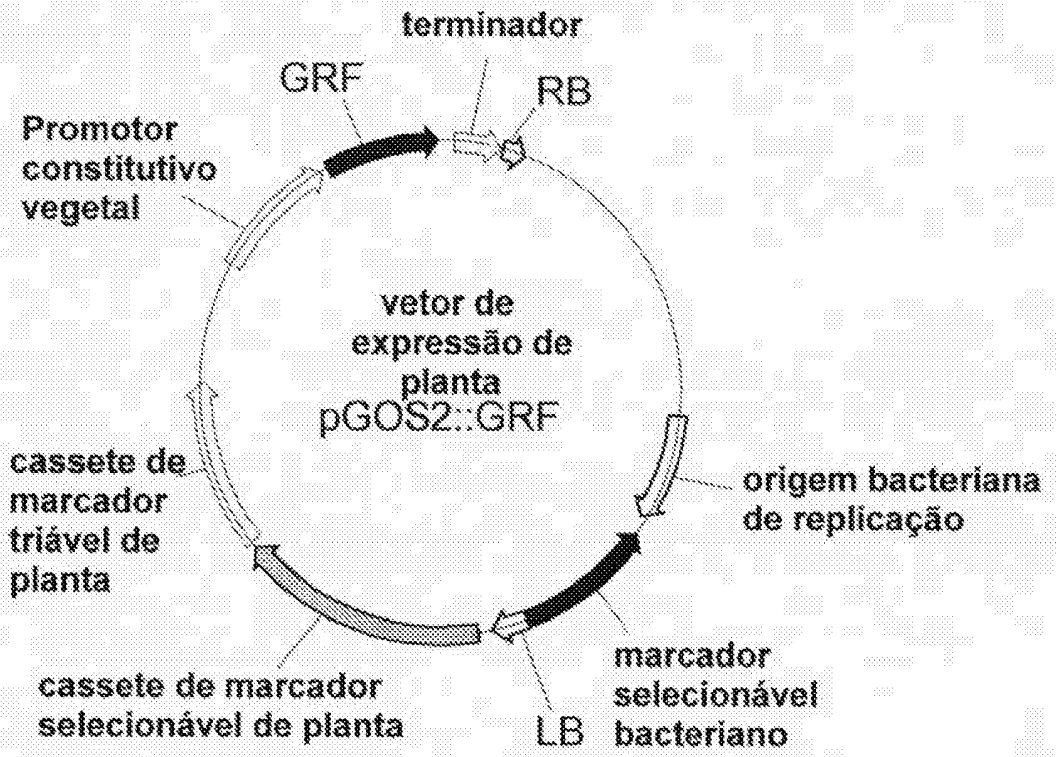

terminador
GRF
RB
Promotor
constitutivo
vegetal
vetor de
expressão de
planta
pGOS2::GRF
cassete de
marcador
triável de
planta
origem bacteriana
de replicação
marcador
selecionável
bacteriano
LB
cassete de marcador
selecionável de planta

FIGURA 4

SEQ ID NO: 1, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT3G13960.1
sequência de ácido nucléico

ATGATGAGTCTAAGTGGAAGTAGCGGGAGAACAATAGGAAGGCCTCCATTTACACCAACACAATGG
GAAGAACTGGAACATCAAGCCCTAATCTACAAGTACATGGTCTCTGGTGTTCCTGTCCCACCTGAG
CTCATCTTCTCCATTAGAAGAAGCTTGGACACTTCCTTGGTCTCTAGACTCCTTCCTCACCAATCC
CTTGGATGGGGGTGTTACCAGATGGGATTTGGGAGAAAACCAGATCCAGAGCCAGGAAGATGCAGA
AGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCTTACCCAGATTCGAAGTACTGTGAAAAA
CACATGCACAGAGGAAGAAACCGTGCCAGAAAATCTCTTGATCAGAATCAGACAACAACAACTCCT
TTAACATCACCATCTCTCTCATTCACCAACAACAACAACCCAAGTCCCACCTTGTCTTCTTCTTCT
TCCTCTAATTCCTCTTCTACTACTTATTCTGCTTCTTCTTCTTCAATGGATGCCTACAGTAACAGT
AATAGGTTTGGGCTTGGTGGAAGTAGTAGTAACACTAGAGGTTATTTCAACAGCCATTCTCTTGAT
TATCCTTATCCTTCTACTTCACCCAAACAACAACAACAAACTCTTCATCATGCTTCCGCTTTGTCA
CTTCATCAAAATACTAATTCTACTTCTCAGTTCAATGTCTTAGCCTCTGCTACTGACCACAAAGAC
TTCAGGTACTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGGAGTTGGGGAGAGAACGTTCTTTCCAGAA
GCATCTAGAAGCTTTCAAGATTCTCCATACCATCATCACCAACAACCGTTAGCAACAGTGATGAAT
GATCCGTACCACCACTGTAGTACTGATCATAATAAGATTGATCATCATCACACATACTCATCCTCA
TCATCATCTCAACATCTTCATCATGATCATGATCATAGACAGCAACAGTGTTTTGTTTTGGGCGCC
GACATGTTCAACAAACCTACAAGAAGTGTCCTTGCAAACTCATCAAGACAAGATCAAAATCAAGAA
GAAGATGAGAAAGATTCATCAGAGTCGTCCAAGAAGTCTCTACATCACTTCTTTGGTGAGGACTGG
GCACAGAACAAGAACAGTTCAGATTCTTGGCTTGACCTTTCTTCCCACTCAAGACTCGACACTGGT
AGCTAA

SEQ ID NO: 2, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT3G13960.1
sequência de polipeptideo traduzida

MMSLSGSSGRTIGRPFFTPTQWEELEHQALIYKYMVSGVPVPPELIFSIRRSLDTSLVSRLLPHQS
LGWGCYQMGFGRKPDPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKHMHRGRNRARKSLDQNQTTTTF
LTSPSLSFTNNNNFSPTLSSSSSSNSSSTTYSASSSSMDAYSNSNRFGLGGSSSNTRGYFNSHSLD
YPYPSTSFKQQQQTLHHASALSLHQNTNSTSQFNVLASATDHKDFRYFQGIGERVGGVGERTFFPE
ASRSFQDSFYHHHQQPLATVMNDPYHHCSTDHNKIDHHHTYSSSSSSQHLHHDHDHRQQQCFVLGA
DMFNKPTRSVLANSSRQDQNQEEDEKDSSESSKKSLHHFFGEDWAQNKNSSDSWLDLSSHSRLDTG
S

SEQ ID NO: 3, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G06200
sequência de ácido nucléico

ATGGCTACAAGGATTCCATTCACAGAATCACAATGGGAAGAACTTGAAAACCAAGCTCTTGTGTTC
AAGTACTTAGCTGCAAATATGCCTGTTCCACCTCATCTTCTCTTCCTCATCAAAAGACCCTTTCTC
TTCTCTTCTTCTTCTTCTTCATCTTCTTCTTCAAGCTTCTTCTCTCCCACTCTTTCTCCACACTTT
GGGTGGAATGTGTATGAGATGGGAATGGGAAGAAAGATAGATGCAGAGCCAGGAAGATGTAGAAGA
ACTGATGGCAAGAAATGGAGATGCTCTAAAGAAGCTTACCCTGACTCTAAGTACTGTGAGAGACAT
ATGCATAGAGGCAAGAACCGTTCTTCCTCAAGAAAGCCTCCTCCTACTCAATTCACTCCAAATCTC
TTTCTCGACTCTTCTTCCAGAAGAAGAAGAAGTGGATACATGGATGATTTCTTCTCCATAGAACCT
TCCGGGTCAATCAAAAGCTGCTCTGGCTCAGCAATGGAAGATAATGATGATGGCTCATGTAGAGGC
ATCAACAACGAGGAGAAGCAGCCGGATCGACATTGCTTCATCCTTGGTACTGACTTGAGGACACGT
GAGAGGCCATTGATGTTAGAGGAGAAGCTGAAACAAAGAGATCATGATAATGAAGAAGAGCAAGGA
AGCAAGAGGTTTTATAGGTTTCTTGATGAATGGCCTTCTTCTAAATCTTCTGTTTCTACTTCACTC
TTCATTTGA

FIGURA 5

SEQ ID NO: 4, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G06200
sequência de polipeptídeo traduzida

MATRIPFTESQWEELENQALVFKYLAANMPVPPHLLFLIKRPFLFSSSSSSSSSSSFFSPTLSPHF
GWNVYEMGMGRKIDAEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMHRGKNRSSSRKPPPTQFTPNL
FLDSSSRRRRSGYMDDFFSIEPSGSIKSCSGSAMEDNDDGSCRGINNEEKQPDRHCFILGTDLRTR
ERPLMLEEKLKQRDHDNEEEQGSKRFYRFLDEWPSSKSSVSTSLFI

SEQ ID NO: 5, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G22840
sequência de ácido nucléico

ATGGATCTTGGAGTTCGTGTTTCTGGTCATGAAACCGTTTCTTCTCCGGGTCAAACTGAACTCGGA
TCTGGTTTCAGTAACAAGCAAGAAAGATCCGGTTTCGATGGTGAAGATTGCTGGAGAAGTTCAAAG
CTCTCACGAACATCAACTGATGGATTCTCTTCTTCCCCTGCCTCTGCTAAAACGCTGTCGTTTCAT
CAAGGCATCCCTTTACTGAGATCTACCACTATTAATGATCCTCGTAAAGGACAAGAACACATGCTT
AGCTTCTCTTCTGCTTCAGGCAAATCAGATGTCTCACCTTATCTTCAGTACTGTAGAAACTCAGGA
TATGGTTTAGGAGGAATGATGAACACAAGCAACATGCATGGAAACTTGTTGACAGGAGTAAAAGGA
CCTTTTTCATTGACTCAGTGGGCAGAGCTAGAGCAACAGGCGTTGATCTATAAGTATATCACAGCC
AATGTCCCTGTTCCATCTAGTTTACTTCTCTCTCTCAAGAAATCTTTTTTCCCTTATGGTTCCTTG
CCTCCTAATTCTTTTGGATGGGGCTCTTTTCATCTGGGCTTTTCCGGTGGTAACATGGATCCCGAG
CCAGGGAGATGTCGCCGGACAGATGGAAAGAAATGGCGGTGCTCGAGGGACGCTGTTCCCGATCAA
AAGTACTGTGAACGACATATTAACAGAGGCCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAAAAT
GGCCACAATACTAATGCTGCCGCCGCTGCTTCTGCTGCTGCCGCTTCTACCGCTGCTGCTGTGTCC
AAAGCGGCAGCGGGGACTTCAGCTGTTGCGATGCGTGGATCAGATAATAACAATAGCCTTGCCGCT
GCTGTTGGAACACAACATCATACCAATAATCAATCTACAGATTCTTTGGCTAACAGAGTTCAAAAT
TCTCGAGGGGCTTCGGTTTTTCCTGCCACGATGAACTTACAGTCGAAGGAAACTCATCCGAAACAA
AGCAATAATCCCTTTGAATTCGGACTCATCTCTTCTGATTCGTTACTTAATCCGTCGCATAAACAA
GCCTCGTATGCAACCTCTTCCAAAGGCTTTGGATCGTATCTTGACTTCGGCAACCAAGCCAAGCAC
GCGGGGAATCACAACAATGTCGATTCTTGGCCCGAAGAGCTGAAATCGGATTGGACTCAGCTCTCA
ATGTCAATCCCTATGGCTCCATCTTCCCCTGTTCAAGATAAACTTGCACTCTCACCTTTAAGGTTA
TCGCGTGAGTTTGACCCCGCGATCCACATGGGATTAGGCGTCAACACCGAGTTTCTTGACCCCGGG
AAAAAGACGAATAACTGGATACCAATCTCCTGGGGTAATAACAACTCCATGGGAGGTCCACTCGGC
GAGGTACTAAACAGCACGACCAATAGTCCCAAGTTTGGTTCCTCTCCAACAGGCGTCTTGCAAAAG
TCGACATTTGGTTCTCTTTCTAACAGCAGCTCGGCAAGCAGCACCATCATTGGCGATAACAACAAT
AAGAACGGTGATGGAAAAGATCCGCTTGGCCCGACCACGCTGATGAATACTTCTGCTACTGCTCCT
TCTCTGTGA

SEQ ID NO: 6, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G22840
sequência de polipeptídeo traduzida

MDLGVRVSGHETVSSFGQTELGSGFSNKQERSGFDGEDCWRSSKLSRTSTDGFSSSPASAKTLSFH
QGIFLLRSTTINDFRKGQEHMLSFSSASGKSDVSPYLQYCRNSGYGLGGMMNTSNMHGNLLTGVKG
PFSLTQWAELEQQALIYKYITANVPVPSSLLLSLKKSFFPYGSLFPNSFGWGSFHLGFSGGNMDPE
PGRCRRTDGKKWRCSRDAVPDQKYCERHINRGRHRSRKPVEGQNGHNTNAAAAASAAAASTAAAVS
KAAAGTSAVAMRGSDNNNSLAAAVGTQHHTNNQSTDSLANRVQNSRGASVFPATMNLQSKETHPKQ
SNNPFEFGLISSDSLLNPSHKQASYATSSKGFGSYLDFGNQAKHAGNHNNVDSWPEELKSDWTQLS
MSIPMAPSSPVQDKLALSPLRLSREFDPAIHMGLGVNTEFLDPGKKTNNWIPISWGNNNSMGGPLG
EVLNSTTNSPKFGSSPTGVLQKSTFGSLSNSSSASSTIIGDNNNKNGDGKDPLGPTTLMNTSATAP
SL

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 7, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G36400
sequência de ácido nucléico

ATGGATTTGCAACTGAAACAATGGAGAAGCCAGCAGCAGCAACAACATCAGACAGAGTCAGAAGAA
CAACCTTCTGCAGCTAAGATACCAAAACATGTCTTTGACCAGATTCATTCTCACACTGCAACTTCT
ACTGCTCTTCCTCTCTTTACCCCTGAGCCTACTTCTTCTAAACTCTCCTCTTTGTCTCCTGATTCT
TCCTCCAGGTTCCCCAAGATGGGGAGCTTCTTTAGCTGGGCACAGTGGCAAGAACTTGAACTACAA
GCTCTGATCTACAGGTACATGTTGGCTGGTGCTGCTGTTCCTCAGGAGCTCCTTTTACCAATCAAG
AAAAGCCTTCTCCATCTATCTCCTTCCTACTTTCTTCACCATCCTCTTCAACACCTACCTCATTAC
CAACCTGCTTGGTATTTGGGAAGGGCAGCGATGGATCCTGAGCCAGGCAGATGCAGGAGAACGGAT
GGTAAGAAGTGGAGATGTTCAAGAGACGTCTTCGCTGGCCACAAGTATTGCGAGCGCCACATGCAC
CGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACTCCAACCACCGTCAATGCAACTGCCACGTCC
ATGGCTTCATCAGTAGCAGCCGCAGCCACCACTACAACAGCAACAACAACATCTACGTTTGCTTTT
GGTGGTGGTGGTGGTAGTGAGGAAGTGGTTGGTCAAGGAGGATCTTTCTTCTTCTCTGGCTCTTCT
AACTCTTCATCTGAACTTCTCCACCTTAGTCAAAGTTGTTCGGAGATGAAGCAAGAAAGCAACAAC
ATGAACAACAAGAGGCCATACGAGTCCCACATCGGATTCAGTAACAACAGATCAGATGGAGGACAC
ATCCTGAGGCCCTTCTTTGACGATTGGCCTCGTTCTTCGCTCCAAGAAGCTGACAATAGTTCAAGC
CCCATGAGCTCAGCCACTTGTCTCTCCATCTCCATGCCCGGGAACTCTTCCTCAGACGTCTCTCTG
AAGCTGTCCACAGGCAACGAAGAGGGAGCCCGGAGCAACAACAATGGGAGAGATCAGCAAAACATG
AGCTGGTGGAGCGGTGGAGGTTCCAACCACCATCATCACAACATGGGCGGACCATTGGCCGAAGCC
CTGAGATCTTCTTCCTCATCTTCCCCAACCAGTGTTCTCCATCAGCTTGGTGTCTCGACACAAGCC
TTTCATTGA

SEQ ID NO: 8, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G36400
sequência de polipeptideo traduzida

MDLQLKQWRSQQQQHQTESEEQPSAAKIFKHVFDQIHSHTATSTALPLFTPEPTSSKLSSLSPDS
SSRFFPKMGSFFSWAQWQELELQALIYRYMLAGAAVPQELLLPIKKSLLHLSPSYFLHHPLQHLPHY
QPAWYLGRAAMDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDVFAGHKYCERHMHRGRNRSRKPVETPTTVNATATS
MASSVAAAATTTTATTTSTFAFGGGGGSEEVVGQGGSFFFSGSSNSSSELLHLSQSCSEMKQESNN
MNNKRPYESHIGFSNNRSDGGHILRPFFDDWPRSSLQEADNSSSPMSSATCLSISMFGNSSSDVSL
KLSTGNEEGARSNNNGRDQQNMSWWSGGGSNHHHHNMGGPLAEALRSSSSSSPTSVLHQLGVSTQA
FH

SEQ ID NO: 9, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G45480
sequência de ácido nucléico

ATGCAGAGCCCTAAAATGGAGCAGGAGGAGGTTGAGGAGGAGAGGATGAGGAATAAGTGGCCGTGG
ATGAAGGCGGCGCAGTTAATGGAGTTTCGGATGCAAGCTTTGGTGTATAGATACATAGAGGCTGGT
CTCCGTGTGCCTCATCATCTCGTGGTGCCTATTTGGAACAGTCTTGCTCTCTCTTCTTCCTCCAAT
TACAACTATCACTCTTCTTCTCTGTTGAGTAACAAGGGAGTAACCCATATCGACACGTTGGAAACT
GAACCAACTAGGTGCAGGAGAACAGATGGGAAGAAATGGCGCTGTAGCAACACGGTCCTTCTATTC
GAGAAGTACTGTGAACGGCACATGCATAGAGGTCGTAAACGTTCAAGAAAGCTTGTGGAATCTTCT
TCTGAGGTTGCTTCATCATCAACCAAATACGACAACACTTATGGTTTGGATAGGTATAACGAGAGT
CAGAGTCATCTTCATGGGACAATCTCGGGTTCTAGTAATGCGCAGGTAGTTACCATTGCTTCACTG
CCTAGTGCCAGATCCTGTGAAAATGTCATTCGTCCGTCTTTAGTGATCTCTGAATTCACAAACAAA
AGTGTGAGTCACGGCAGAAAGAACATGGAGATGAGTTATGATGACTTTATTAATGAAAAAGAGGCG
AGTATGTGTGTTGGAGTTGTTCCTCTTCAAGGTGATGAGAGCAAACCTTCGGTTCAAAAGTTCTTC
CCTGAGGTATCTGATAAATGCTTAGAAGCTGCAAAATTCTCAAGCAACAGGAAGAATGATATAATT
GCAAGAAGCAGAGAATGGAAGAATATGAATGTTAATGGTGGTTTGTTTCATGGTATCCACTTTTCT
CCAGACACTGTTCTTCAAGAACGTGGTTGTTTTCGTTTACAAGGAGTTGAAACAGACAATGAACCA

FIGURA 5 cont.

GGAAGGTGCCGAAGAACAGATGGGAAGAAGTGGAGATGCAGCAAAGATGTTTTGTCTGGTCAGAAG
TACTGCGATAAGCACATGCATAGAGGTATGAAGAAGAAGCATCCAGTTGATACTACTAACTCACAT
GAGAATGCCGGGTTTAGCCCGTTAACCGTGGAAACAGCTGTTAGATCGGTTGTGCCTTGCAAAGAT
GGAGATGACCAGAAGCATTCTGTTTCAGTCATGGGAATTACACTGCCCCGAGTTTCTGATGAGAAG
AGCACTAGCAGTTGCAGTACCGACACTACCATTACTGACACAGCTTTAAGGGGTGAAGACGACGAT
GAGGAGTACTTGTCTTTGTTTTCACCAGGTGTTTAG

SEQ ID NO: 10, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G45480
sequência de polipeptídeo traduzida

MQSPKMEQEEVEEERMRNKWPWMKAAQLMEFRMQALVYRYIEAGLRVPHHLVVPIWNSLALSSSSN
YNYHSSSLLSNKGVTHIDTLETEPTRCRRTDGKKWRCSNTVLLFEKYCERHMHRGRKRSRKLVESS
SEVASSSTKYDNTYGLDRYNESQSHLHGTISGSSNAQVVTIASLPSARSCENVIRPSLVISEFTNK
SVSHGRKNMEMSYDDFINEKEASMCVGVVPLQGDESKPSVQKFFPEVSDKCLEAAKFSSNRKNDII
ARSREWKNMNVNGGLFHGIHFSPDTVLQERGCFRLQGVETDNEPGRCRRTDGKKWRCSKDVLSGQK
YCDKHMHRGMKKKHPVDTTNSHENAGFSFLTVETAVRSVVFCKDGDDQKHSVSVMGITLPRVSDEK
STSSCSTDTTITDTALRGEDDDEEYLSLFSPGV

SEQ ID NO: 11, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT3G52910.1
sequência de ácido nucléico

ATGGACTTGCAACTGAAACAATGGAGAAGTCAGCAGCAGAATGAGTCAGAAGAACAAGGCTCTGCT
GCAACTAAGATATCAAACTTTTTCTTTGATCAGATTCAGTCCCAAACTGCTACTTCTGCTGCTGCG
GCTCCTCTTCCTCTCTTTGTCCCTGAACCCACTTCTTCCTCTTCTTTCTCTTGCTTCTCTCCTGAC
TCTTCTAATTCTTCTTCTTCTTCCAGGTTCCTCAAGATGGGAAACTTCTTCAGCTGGGCACAGTGG
CAAGAACTTGAGCTACAAGCACTGATCTATAGATACATGTTGGCTGGTGCTTCTGTTCCTCAAGAG
CTTCTCTTACCTATTAAGAAAAGTCTCCTCCATCAATCTCCTATGCATTTCCTTCACCATCCTCTT
CAACATAGTTTTCCTCATCACCAACCTTCTTGGTATTGGGGAAGAGGAGCAATGGATCCTGAGCCA
GGGAGGTGTAAGAGAACTGACGGCAAGAAATGGAGATGTTCAAGGGATGTTGTAGCGGGCCACAAG
TATTGTGACCGCCACATTCACCGTGGAAGAAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACCGCCACAACC
ACCATCACAACGACAGCCACAACAACCGCATCTTCTTTTGTCTTAGGTGAGGAGCTTGGTCATGGA
CCAAACAACAACCACTTCTTCTCCTCTGGTTCATCTCAACCTCTCCACCTTAGTCATCAACAAAGT
TGTTCTTCAGAGATGAAACAAGAAAGCAACAACAACAAGAGGCCATATGAAGCTAACAGTGGATTC
AGCAATGGAAGATCAGACGATGGTCACATCTTGAGGCATTTCTTTGACGATTGGCCACGATCATCA
GACTCTACCTCCAGTCCAATGAGCTCATCCACTTGTCATCTTTCAATCTCCATGCCCCGGTAACAAC
ACGTCCTCAGATGTTTCTCTAAAACTTTCCACAGGCAATGAAGAAGAAGAAGAGAACATGAGAAAT
AACAACAATGAGAGGGAGCAAATGAATTGGTGGAGCAATGGAGGGAATCACCACAACAATATGGGA
GGACCATTAGCTGAGGCTTTGAGGTCAGCTTCTTCGACGTCAAGTGTTCTTCATCAGATGGGAATC
TCTACTCAAGAAATGAAGTATGTGAAGCCATTGAGCTTATTGGGTAATGCGCTGAAGACCAAAGTG
TCAGTCCCTGGTCGGTTTCTGGGTTTAGATGTTGGTGATAAGTATGTTGGATTAGCTATCTCAGAT
CCTTCAAATATGGTTGCTTCTCCATTGAGTGTTTTGCTCAGAAAGAAATCAAACATTGACCTGATG
GCTACAGATTTCCAGAACCTGGTCAAAGCATTTTCTGTGTCGGGATTAGTCGTTGGTTATCCATTT
GGCAAACTGAACAATGTAGAGGATGTTGTCACTGTGAATCTTTTCATTGAGGAACTTCGTAAGACC
GAAAAACTCAAGGATGTGAAATACACATATTGGGACGAGCGATTATCATCAAAGACCGTTGAACTG
ATGTTGAAGCCCTTGAATTTGCATCCTGTTCAAGAGAAGACAATGTTGGACAAGTTAGCCGCAGTA
GTTATACTTCAGGAGTATTTAGATTACGCGAACAGGTATGTAAACACTGAGCCAGCAGAGTAA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 12, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT3G52910
sequência de polipeptídeo traduzida

MDLQLKQWRSQQQNESEEQGSAATKISNFFFDQIQSQTATSAAAAPLPLFVPEPTSSSSFSCFSPD
SSNSSSSSRFLKMGNFFSWAQWQELELQALIYRYMLAGASVPQELLLPIKKSLLHQSPMHFLHHPL
QHSFPHHQFSWYWGRGAMDPEPGRCKRTDGKKWRCSRDVVAGHKYCDRHIHRGRNRSRKPVETATT
TITTTATTTASSFVLGEELGHGPNNNHFFSSGSSQPLHLSHQQSCSSEMKQESNNNKRPYEANSGF
SNGRSDDGHILRHFFDDWFRSSDSTSSPMSSSTCHLSISMPGNNTSSDVSLKLSTGNEEEEENMRN
NNNEREQMNWWSNGGNHHNNMGGPLAEALRSASSTSSVLHQMGISTQEMKYVKPLSLLGNALKTKV
SVPGRFLGLDVGDKYVGLAISDPSNMVASPLSVLLRKKSNIDLMATDFQNLVKAFSVSGLVVGYPF
GKLNNVEDVVTVNLFIEELRKTEKLKDVKYTYWDERLSSKTVELMLKPLNLHPVQEKTMLDKLAAV
VILQEYLDYANRYVNTEPAE

SEQ ID NO: 13, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT4G24150.1
sequência de ácido nucléico

ATGAGGATGCTTCTTGGGATTCCTTACGTAGACAAGTCGGTTCTTTCCAACTCTGTTCTTGAGAGA
GGCAAGCAGGATAAAAGCAAACTATTGTTAGTCGACAAATGCCATTATGAGCTTGATGTTGAAGAA
CGCAAGGAAGATTTTGTTGGTGGGTTTGGATTTGGTGTTGTAGAAAATTCGCATAAAGACGTTATG
GTGCTACCTCATCATCACTATTATCCATCATATTCATCACCTTCCTCTTCTTCTTTGTGTTACTGT
TCTGCTGGTGTTAGCGATCCCATGTTCTCTGTTTCTAGCAATCAGGCTTACACTTCTTCTCACAGT
GGTATGTTCACACCCGCCGGTTCTGGTTCTGCTGCTGTGACTGTAGCAGATCCTTTTTTCTCCTTG
AGCTCTTCAGGGGAAATGAGAAGAAGTATGAACGAAGATGCTGGTGCAGCTTTCAGCGAAGCTCAA
TGGCATGAGCTTGAGAGGCAGAGGAATATATACAAGTACATGATGGCTTCTGTTCCTGTTCCTCCA
GAGCTTCTCACACCCTTTCCCAAGAACCACCAATCAAACACTAACCCGGATGTGGATACATATAGG
AGTGGAATGTTTAGTATTTATGCTGATTACAAGAATCTGCCGTTGTCTATGTGGATGACAGTAACT
GTGGCAGTGGCGACAGGAGGCTCATTGCAGCTGGGGATTGCTTCAAGCGCAAGCAATAACACGGCT
GATCTGGAGCCATGGAGGTGCAAGAGAACAGATGGGAAGAAATGGAGGTGCTCTAGAAACGTGATT
CCTGATCAGAAATACTGTGAGAGACACACACACAAGAGCCGTCCTCGTTCAAGAAAGCATGTGGAA
TCATCTCACCAATCATCTCACCACAATGACATTCGTACGGCTAAGAATGATACTAGCCAGCTTGTG
AGAACTTATCCTCAGTTTTACGGACAACCTATAAGCCAGATCCCTGTGCTTTCTACTCTTCCGTCT
GCCTCCTCTCCATATGATCACCACAGAGGACTGAGGTGGTTTACGAAAGAAGATGATGCCATTGGA
ACCTTAAACCCGGAGACTCAAGAAGCTGTCCAGCTGAAAGTTGGATCAAGCAGAGAGCTCAAACGG
GGATTCGATTATGATCTGAATTTCAGGCAGAAAGAGCCAATAGTAGACCAGAGCTTTGGAGCATTG
CAGGGTCTATTAAGTCTAAACCAGACACCACAACATAACCAAGAAACAAGACAGTTTGTTGTAGAA
GGAAAGCAAGATGAAGCGATGGGAAGCTCTCTGACACTCTCAATGGCTGGAGGAGGCATGGAGGAA
ACAGAGGGAACAAACCAGCATCAGTGGGTTAGCCATGAAGGTCCATCATGGCTCTATTCAACAACA
CCAGGTGGACCATTGGCTGAAGCACTGTGTCTCGGTGTCTCCAACAACCCAAGTTCTAGTACTACT
ACTAGTAGCTGCAGCAGAAGCTCAAGCTAA

SEQ ID NO: 14, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_ AT4G24150.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MRMLLGIPYVDKSVLSNSVLERGKQDKSKLLLVDKCHYELDVEERKEDFVGGFGFGVVENSHKDVM
VLPHHHYYPSYSSPSSSSLCYCSAGVSDFMFSVSSNQAYTSSHSGMFTPAGSGSAAVTVADPFFSL
SSSGEMRRSMNEDAGAAFSEAQWHELERQRNIYKYMMASVPVPPELLTPFFPKNHQSNTNPDVDTYR
SGMFSIYADYKNLPLSMWMTVTVAVATGGSLQLGIASSASNNTADLEPWRCKRTDGKKWRCSRNVI
PDQKYCERHTHKSRPRSRKHVESSHQSSHHNDIRTAKNDTSQLVRTYPQFYGQPISQIPVLSTLPS
ASSPYDHHRGLRWFTKEDDAIGTLNPETQEAVQLKVGSSRELKRGFDYDLNFRQKEPIVDQSFGAL
CGLLSLNQTPQHNQETRQFVVEGKQDEAMGSSLTLSMAGGGMEETEGTNQHQWVSHEGPSWLYSTT
PGGPLAEALCLGVSNNPSSSTTTSSCSRSSS

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 15, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT4G37740.1
sequência de ácido nucléico

ATGGATATTGGTGTTCATGTTCTTGGGTCGGTTACTAGTAATGAAAATGAGTCACTTGGTCTAAAA
GAGCTTATAGGAACTAAACAAGATAGATCCGGATTCATCGGTGAGGATTGCTTGCAACGAAGCTTG
AAGCTAGCAAGAACGACAACTAGAGCGGAAGAAGAAGAAAACTTGTCTTCTTCTGTTGCAGCTGCT
TATTGCAAAACGATGTCGTTTCACCAAGGCATTCCTCTCATGAGATCTGCTTCTCCTCTTTCCTCT
GATTCTCGCCGTCAAGAACAAATGCTTAGCTTCTCAGATAAACCAGACGCTCTTGATTTCAGTAAA
TATGTCGGTTTGGATAATAGCAGTAATAACAAGAACTCTCTCTCGCCGTTTCTTCACCAGATTCCT
CCACCTTCTTACTTTAGAAGCTCAGGAGGATATGGTTCTGGTGGAATGATGATGAACATGAGCATG
CAAGGGAACTTCACAGGTGTTAAAGGACCTTTTACATTGACTCAATGGGCTGAGTTAGAGCAACAG
GCGTTGATCTATAAGTACATCACAGCCAATGTCCCTGTTCCTTCTAGTTTGCTCATCTCTATCAAG
AAGTCTTTTTATCCTTACGGATCTTTGCCTCCTAGTTCCTTCGGATGGGGAACTTTCCATCTCGGT
TTCGCAGGCGGTAACATGGACCCTGAGCCAGGGAGATGCCGCAGAACAGATGGGAAGAAATGGCGG
TGCTCAAGAGACGCCGTTCCTGATCAGAAATACTGTGAAAGACACATCAACAGAGGCCGTCATCGT
TCAAGAAAGCCTGTGGAAGTCCAATCTGGCCAAAACCAAACCGCCGCTGCTGCATCCAAAGCGGTT
ACTACACCACAACAGCCTGTTGTCGCTGGTAATACTAACAGAAGCAATGCCCCGTGCATCAAGCAAC
CGCAGCCTCGCCATTGGAAGTCAATATATCAATCCTTCTACAGAATCTTTACCTAACAACAGAGGA
GTTTCGATATATCCTTCCACCGTCAACTTACAACCCAAGGAATCTCCGGTTATTCATCAGAAACAC
AGAAACAACAACAACCCTTTTGAGTTTGGACACATATCCTCTGATTCGTTACTCAACCCGAATACC
GCAAAGACCTATGGATCATCGTTCTTGGATTTCAGCAGCAACCAAGAGAAGCATTCAGGGAATCAC
AATCACAATTCTTGGCCTGAAGAGCTGACATCAGATTGGACACAGCTCTCAATGTCAATTCCAATA
GCATCATCATCCCCTTCCTCCACACACAACAACAACAATGCTCAAGAAAAAACAACACTCTCGCCT
CTCAGGCTATCCCGCGAGCTTGACCTATCGATCCAAACCGATGAAACAACAATCGAGCCTACTGTG
AAAAAGGTGAATACTTGGATACCAATCTCATGGGGAAACTCCTTAGGAGGTCCTCTAGGTGAAGTA
CTAAACAGTACAACGAATAGTCCAACATTTGGATCTTCTCCTACAGGGGTTTTGCAAAAGTCCACA
TTTTGTTCACTCTCTAACAACAGCTCCGTGAGCAGCCCCATTGCAGAGAACAACAGACACAATGGC
GATTACTTTCATTACACAACCTGA

SEQ ID NO: 16, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT4G37740.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MDIGVHVLGSVTSNENESLGLKELIGTKQDRSGFIGEDCLQRSLKLARTTTRAEEEENLSSSVAAA
YCKTMSFHQGIPLMRSASPLSSDSRRQEQMLSFSDKPDALDFSKYVGLDNSSNNKNSLSPFLHQIP
PPSYFRSSGGYGSGGMMMNMSMQGNFTGVKGPFTLTQWAELEQQALIYKYITANVPVPSSLLISIK
KSFYPYGSLPPSSFGWGTFHLGFAGGNMDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDAVPDQKYCERHINRGRHR
SRKPVEVQSGQNQTAAAASKAVTTPQQPVVAGNTNRSNARASSNRSLAIGSQYINPSTESLPNNRG
VSIYPSTVNLQPKESPVIHQKHRNNNNPFEFGHISSDSLLNPNTAKTYGSSFLDFSSNQEKHSGNH
NHNSWPEELTSDWTQLSMSIPIASSSPSSTHNNNNAQEKTTLSPLRLSRELDLSIQTDETTIEPTV
KKVNTWIPISWGNSLGGPLGEVLNSTTNSPTFGSSPTGVLQKSTFCSLSNNSSVSSPIAENNRHNG
DYFHYTT

SEQ ID NO: 17, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT5G53660.1
seqüência de ácido nucléico

ATGGACTTTCTCAAAGTTTCAGACAAGACAACAATTCCATATAGAAGTGATTCTTTGTTTAGTTTG
AATCAGCAACAATACAAAGAGTCTTCTTTTGGATTCAGAGACATGGAGATTCATCCGCATCCTACT
CCATATGCAGGAAATGGACTTTTGGGTTGTTATTACTATTACCCTTTCACAAACGCACAATTGAAG
GAGCTTGAGAGACAAGCAATGATCTACAAGTACATGATCGCATCTATTCCTGTTCCTTTCGATCTA
CTTGTTTCTTCACCATCCTCTGCCTCTCCTTGTAACAATAAAAACATCGCCGGAGATTTAGAGCCG
GGAAGATGCCGGAGAACAGACGGAAAGAAATGGAGATGCGCGAAAGAAGTCGTCTCTAATCACAAA

FIGURA 5 cont.

TACTGTGAGAAACACTTACACAGAGGTCGTCCTCGTTCAAGAAAGCATGTGGAACCTCCTTATTCT
CGCCCTAACAACAATGGTGGTTCTGTGAAAAACAGAGATCTCAAAAAGCTTCCTCAAAAGTTATCT
AGTAGTTCCATCAAAGACAAAACACTTGAGCCAATGGAGGTTTCATCATCAATCTCAAACTATAGA
GACTCCAGAGGAAGTGAGAAATTTACTGTATTGGCAACAACAGAGCAAGAGAACAAGTATCTGAAT
TTCATAGATGTATGGTCCGATGGAGTAAGATCATCTGAAAAACAGAGTACAACTTCAACACCTGTT
TCTTCTTCCAATGGCAATCTCTCTCTTTACTCGCTTGATCTCTCAATGGGAGGAAACAACTTAATG
GGCCAAGACGAAATGGGCCTGATACAAATGGGCTTAGGTGTAATCGGGTCGGGTAGTGAGGATCAT
CACGGGTATGGTCCTTATGGTGTGACTTCTTCACTAGAGGAGATGTCAAGCTGGCTTGCTCCGATG
TCTACCACACCTGGTGGACCATTAGCGGAGATACTGAGGCCGAGTACGAATTTGGCGATCTCTGGT
GATATCGAATCGTATAGCTTGATGGAGACTCCCACTCCAAGCTCGTCCCCGTCTAGAGTGATGAAG
AAGATGACTAGTTCAGTGTCCGACGAAAGCAGCCAGGTTTAG

SEQ ID NO: 18, Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT5G53660.1 sequência de polipeptídeo traduzida

MDFLKVSDKTTIPYRSDSLFSLNQQQYKESSFGFRDMEIHPHPTPYAGNGLLGCYYYYPFTNAQLK
ELERQAMIYKYMIASIPVPFDLLVSSPSSASPCNNKNIAGDLEPGRCRRTDGKKWRCAKEVVSNHK
YCEKHLHRGRPRSRKHVEPPYSRPNNNGGSVKNRDLKKLPQKLSSSSIKDKTLEPMEVSSSISNYR
DSRGSEKFTVLATTEQENKYLNFIDVWSDGVRSSEKQSTTSTPVSSSNGNLSLYSLDLSMGGNNLM
GQDEMGLIQMGLGVIGSGSEDHHGYGPYGVTSSLEEMSSWLAPMSTTPGGPLAEILRPSTNLAISG
DIESYSLMETPTPSSSPSRVMKKMTSSVSDESSQV

SEQ ID NO: 19, Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens Aqufo_GRF sequência de ácido nucléico DT756681, DR946716

ACTTAAAAGACCAGTCTTAGCTTTCTTCATTAATTCCTACTACTGTTCTCAGTGTTGCTCTTTGAG
TTTATAGATATTTTTCTTACAATGATGATGAGTGCTAGAAACAGAAATCCTTTCACTGTAACTCAA
TGGCAAGAACTTGAACATCAAGCTCTCATTTATAAGTATATGGCTTCAGGAATGCCTATACCACCT
GATCTCATCTTCCCTATTAAGAGAAGTCTTGATTCTTCAAGATTCTTTCCTCATCAACCAATGGAT
TGGGGTTGTTTTCAGATGGGTTATGGCAGGAAAGTTGATCCAGAACCTGGAAGGTGCAGAAGAACA
GATGGAAAGAAGTGGAGATGCTCAAAGGAAGCATACCCAGACTCAAAGTACTGTGAGAGACACATG
CACAGAGGCAGAAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTTAATACTACATCAAATTCCTCATTACCA
CTTTCATCTTTTACCTCTAGAACTCCTTCTAGTACCATTACTTCAAATACCAACCCTTCTTCTTAT
TCCCTTTCTTCATCTCTAACATCTGACAAATCTCAGCAAGAACATCATCACCCTTATCATAACACC
CCTCTTCATTCCTTTCTCAATCCTAGTAGAACTTCTTGTTCTTCTCCTAGAACTCATAATATTGAT
TTCTCACCTCATAGCAATAACAATGCCAATTTGGTATTAGACTCTGGGTCTTACTCTAACTCTTAT
GAAGATCACAGAAACAGGTATGTTCATGGTCTAAAAGAAGAGGTAGATGAAAGAGCTTTCTTTTCA
GAAGCATCAGGAACATTAAGAAGTGTACCAGAATCAACTTTGAAAGATCCATGGCGTTTAACACCA
TTAAGAATGAGTTCTTCAACTCATAACCAACCAAAAGATGGAAATTTTTCTGATTTACAAAGAGGG
TATTCTCAGTTTCAACTCCAACATAAACAACAACAACAGCAACAAGAAGAAGAACAGCATTGTTTT
ATTTTAGGTACTGATTTCAAATCTGACAGGTTTATGAAAACTAGTACTACTACTACTGAGAAAGAA
GAATCACAACAACCACTTCGCCATTTCTTTGATGAATGGCCACCTAAGAGTAAAGATTCTTGGTTG
GGTTTAGAAGAAGATAGATCAGATCAAGGTTCACATTCAACAACTCAACTTTCAATATCTATTCCT
ATGTCTTCTCATGAGTTCTCAGTTTCAAATTCCAGAACCTAACAATAAGATGATGGTTGATTTACT
TAAAGTGGGATTATTATGGAAAGATTAATGACAACAAGGAGTTGATTCAAGGTTGGGTTCAGTGTC
TTTGTACTTGTATTGTCTTTATTTAATTGATGATGAGAAGTTTAGGTAGAGAGTGCTATGTGTTAT
TTTTTTTTTTGTTATGTGTGTGGAGTGATTGAAAAGTGTGTCTTTAAACAGTAAGATTCCTGTCTT
GTGTTTTCTTGATAGCTGTTAGAACTTTGTTTGAATGACTGATGAACAAATATTTGGGATTTGGGG
ATTTGTTTGTATCAATATTAGGTGTTTTTTCTGTCTTTTTGGCTTCTTCCATGATTGCCAAAGACC
ATTTGTTCAACCTAAAAATGATAATGAAGGGGGGCCAATTTGATATCATGAGCTTGGTTGTCAGT
TAGGAAAG

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 20, Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens Aqufo_GRF sequência de polipeptídeo traduzida

MMMSARNRNPFTVTQWQELEHQALIYKYMASGMPIPPDLIFPIKRSLDSSRFFPHQFMDWGCFQMG
YGRKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVEVNTTSNSSLPLSSFTSR
TPSSTITSNTNPSSYSLSSSLTSDKSQQEHHHPYHNTPLHSFLNPSRTSCSSFRTHNIDFSPHSNN
NANLVLDSGSYSNSYEDHRNRYVHGLKEEVDERAFFSEASGTLRSVPESTLKDPWRLTPLRMSSST
HNQFKDGNFSDLQRGYSQFQLQHKQQQQQQEEEQHCFILGTDFKSDRFMKTSTTTTEKEESQQPLR
HFFDEWPPKSKDSWLGLEEDRSDQGSHSTTQLSISIPMSSHEFSVSN

SEQ ID NO: 21, Brassica napus Brana_GRF sequência de ácido nucléico contig of CN730217.1, ES922527

GAAGAAAGATGATGGGTCTAAGTGGAAATGGTGGGAGAACAATAGAGAGGCCTCCATTTACACCAA
CACAATGGCAAGAACTGGAGAATCAAGCCCTAATTTACAAGTACATGGTCTCAGGAGTTCCTGTCC
CACCTGAGCTCATCTTCTCCATTAGAAGAAGCTTGGACTCTTCCTTGGTCTCTAGACTCCTCCCTC
ACCAATCCATTGGGTGGGGATGCTATCAGATGGGGTTTGGTAGAAAACCAGATCCAGAACCAGGAA
GGTGCAGAAGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCATACCCTGATTCAAAGTACT
GTGAAAAACACATGCACAGAGGAAGGAACCGTGCCAGAAAATCTATTGATCAGAATCAGACAACTG
CTCCTTTAACATCACCATCTCTCTTTCCCCAACAACAACAACCCAAGCCCTACCTTGTCTTCTT
CCTCCTCTACTTATTCAGCTGCTTCTTCATCTCCTTCCATTGATGCTTACAGTAATATCAATAGGC
TTGGTGTTGGTAGTAGTAACAGTAGAGGTTACTTCAACAACCATTCCCTTGACTATCCTTATCCTT
TGTCCTCACCTAAACAGCAACAACAACAGCAACAAACTCTTAGTCATGTTTCTGCTTTGTCACTTC
ATCAAAACACATCTACACCTCAGCTCAATGTCTTTGCCTCTGCAACTGACCACAAAGACTTCAGAT
ATTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGTTGGGGAAAGAACTTTTTTTCCAGAAGCTTCTAGAA
GCTTTCAAGATTCTCCATACCATCACCAACAACCGTTAGCAACGGTAGTGGATAATCCGTACGACT
GTACTACTGATCATAAGTTTGATCATCATCATACATACTCATCATCATCTCAACATCATCATCATG
ACCAAGATCATCGACAACAACAACAATGTTTTGTTTTGGGCGCCGACATGTTCAACAAACCCACAA
GAACTATCTTGGAAAACACATCGAGACAAGATTATCTTAATCAAGAAGAGGAAGAGAAAGATTCAT
CGGACACGAAGAAGTCCCTTCATCATTTCTTTGGTGAAGAGTGGACACAGAACAAGAACAGTTCAG
ATTCTTGGCTTGACCTTTCTTCCCAGTCAAGACTCGACACTGGTAGCTGATTGATGAGGCCAGATA
GCATCAGTGATGGGTCTGCACCAACACACACACAAACACGTTTGAAGGGTCACATTTCACATCTAT
TTCCGTGGAACATTGAGACAGACAAGACACTG

SEQ ID NO: 22, Brassica napus Brana_GRF sequência de polipeptídeo traduzida

MMGLSGNGGRTIERPPFTPTQWQELENQALIYKYMVSGVPVPPELIFSIRRSLDSSLVSRLLPHQS
IGWGCYQMGFGRKPDPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKHMHRGRNRARKSIDQNQTTAPL
TSPSLSFPNNNNPSPTLSSSSSTYSAASSSPSIDAYSNINRLGVGSSNSRGYFNNHSLDYPYPLSS
PKQQQQQQQTLSHVSALSLHQNTSTPQLNVFASATDHKDFRYFQGIGERVGVGERTFFPEASRSFQ
DSPYHHQQPLATVVDNPYDCTTDHKFDHHHTYSSSSQHHHHDQDHRQQQQCFVLGADMFNKPTRTI
LENTSRQDYLNQEEEEKDSSDTKKSLHHFFGEEWTQNKNSSDSWLDLSSQSRLDTGS

SEQ ID NO: 23, Hordeum vulgare Horvu_GRF sequência de ácido nucléico AK250947

GGGCAGCCGCAGCCGCAGCCGCAGCAGAGGAGAGAGAGAGGGAGGGAGAAGCATATATGGCGATGC
CCTTTGCCTCCCTGTCGCCGGCAGCCGACCACCACCGCTCCTCCCCCATCTTCCCCTTCTGCCGCT
CCTCCCCTCTCTACTCGGTAGGGGAGGAGGCGGCGCATCAGCATCCTCATCCTCAGCAGCAGCAGC
AGCAGCACGCGATGAGCGGCGCGCGGTGGGCGGCGAGGCCGGCGCCCTTCACGGCGGCGCAGTACG
AGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCGTCGCCGGCGTCCCCGTCCCGCAGGACC

FIGURA 5 cont.

TCCTCCTCCCCATCCGCCGCGGCTTCGAGACCCTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCACGCCCTTG
GGTACGGGTCCTACTTCGGGAAGAAGCTGGATCCGGAGCCGGGGCGGTGCCGGCGGACGGACGGCA
AGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCCGCTCAGGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGCG
GCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACGCAGCTCGTCGCCAGCTCCCACTCCCAGTCCCAGC
AGCACGCCACCGCCGCCTTCCACAACCACTCGCCGTATCCGGCGATCGCCACTGGCGGTGGCTCCT
TCGCCCTGGGGTCTGCTCAGCTGCACATGGACACTGCTGCGCCTTACGCGACGACCGCCGGTGCTG
CCGGAAACAAAGATTTCAGGTATTCTGCCTATGGAGTGAGGACGTCGGCGATCGAGGAGCACAACC
AGTTCATCACCGCGGCCATGGACACCGCCATGGACAACTACTCGTGGCGCCTGATGCCGTCCCAGG
CCTCGGCATTCTCGCTCTCCAGCTACCCCATGCTGGGCACGCTGAGCGACCTGGACCAGAGCGCGA
TCTGCTCGCTGGCCAAGACTGAGAGGGAGCCACTGTCCTTCTTCGGCGGCGGCGGCGACTTCGACG
ACGACTCGGCTGCGGTGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCCAAGG
ACAGGGACTCGTGGCCGGAGCTGCAAGACCACGACGCCAACAACAACAGCAACGCCTTCTCAGCCA
CCAAGCTGTCCATCTCCATGCCGGTCACCAGCTCCGACTTCTCTGGCACCACCGCCGGCTCCCGCT
CGCCCAACGGTATATACTCCCGGTGAACGGCGTCGGCCGGCCTGATCTCTGCTGATTTGCCGTGGT
CACGACGGGCGTCCTCAAATCATCACAGATGAGCGAACCGGCCGACCCGATCGAATGTGTCTGTGA
GCCGACTGCAGCTTGCTTGCTCATTTTGTATGGATCGTCGTGCAGCAGGAACGAAACACTACTCCT
TTAATTTCCTTTCTTTAATTTCACAACGTTTTTTCTGGGTTTTGCCGTGTATCGGCCGGAACTGTA
CTACCAAGTTTTCTATAGCCTCGATGGTCATGCACGACATCGTTGACTGTTTCCCGCGCACTTACT
GTTGAAATAATCTTCCATTTTTGGCAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 24, Hordeum vulgare Horvu_GRF sequência de polipeptídeo traduzida

MAMPFASLSPAADHHRSSPIFPFCRSSPLYSVGEEAAHQHPHPQQQQQQHAMSGARWAARPAPFTA
AQYEELEQQALIYKYLVAGVPVPQDLLLLPIRRGFETLASRFYHHHALGYGSYFGKKLDPEPGRCRR
TDGKKWRCSKEAAQDSKYCERHMHRGRNRSRKPVETQLVASSHSQSQQHATAAFHNHSPYPAIATG
GGSFALGSAQLHMDTAAPYATTAGAAGNKDFRYSAYGVRTSAIEEHNQFITAAMDTAMDNYSWRLM
PSQASAFSLSSYPMLGTLSDLDQSAICSLAKTEREPLSFFGGGGDFDDDSAAVKQENQTLRPFFDE
WPKDRDSWPELQDHDANNNSNAFSATKLSISMPVTSSDFSGTTAGSRSPNGIYSR

SEQ ID NO: 25, Lycopersicon esculentum Lyces_GRF sequência de ácido nucléico BT013977

GATGATAAGAAACACACAAATGACTTAACTTTGCAGGTTTCACCGCACTCGACACTGCAAAAAAGA
TACATATAAAAAAAAAGGTCCACTCAACTCTCTGCAAAAATAAAAAAAATTAAAAACTTTTGTCCA
AGACTTAACTTTCTCTTCAGAAATAAATTTGCCTTCACATTAATATTTTGTTGTTAGTAACAAAAA
TCATTCTCAATCGAAACATGGACTTCAATATGAAGCAATGGAGTAATCAACATGAGTCAGAAAATC
AAGAATCACCAACAAAGTTACCAAGACTTCTTCTTGACTTCCACTCTGTTTCTTCTGATTCTGCTT
CTGCTGCTGCTCTACCATTGTTTGTATCTGAACCAACAACATCAACAACAACTTGTACCAAATTAA
TGTCAGATTCAGCAACCACTGTCACCACCAAATTTCCAAGGATTGGAAGTGGTGGTGGTTACTTCA
GCTTGGCTCAATGGCAAGAACTTGAACTACACAGTTTGATTTTTAGGCATTTTGTAGCTGGTGCCC
CTGTTCCTTCTGAACTACTTCATCTTGTTAAGAAAAGTATTATTGCTTCTCCTCCTCCTCCTCCTT
CATATTACTTTGCTCATCCATATCAACAGTATCCTCATTATCAACAAGCTTTGATGCAGTCAGGGT
ACTGGGGTAGAGCCGCCATGGATCCAGAACCAGGAAGGTGTAGGAGGACTGATGGCAAGAAATGGA
GGTGCTCAAGGGATGTAGTGGCTGGCCAGAAATACTGCGAGCGCCACGTTCATCGTGGCCGCAGCC
GTTCAAGAAAGCCTGTGGAAATTCCCACACCTGCCAACAATGGCAGTAAAAACAACAACACTGTTT
CTCATCATCAAGCCTTTGGAAAAATGACTGGACATGCTCATGCTGGTGGTGGTGCTCCTCAGTTTT
CTCTTTCGGGACATTCACCTTCCACTAATGCGCCTTTTCATCTCAATCAAAGGCCAATTAAGGGTC
CACCACAAGAAGTACTTCAAAAAGATGTATCTATTGGTGATGGTAAATCATCTAGTGGCCAAATCC
TACGCCATTTCTTCGACGATTGGCCTAGACAACAACTTCAAGAAGGCGACAATGCTGCAACCAGCC

FIGURA 5 cont.

TGTCCATTTCGATGCCCGGTGTAGGGGGTAACCCCTCGTCAGACTTCTCGTTGAAGCTTTCAACTG
GGAATTACTATGATTCAGGTACTCAAGTTAGTAATGTTGAACGGTCTACATGGGGGACGAGTCACC
ACCACGTAGCCTCAATGGGTGGTCCACTTGCCGAGGCCTTAAGGTCATCAACAACTAACTCGTCCC
CTACTAGCGTGTTGCATCAATTGGCACGAGGTAGCGCGTCCGAGGCCAGCTATATTAGCACTTGAT
TTCTGCAAGTGTTCTTGTTAAATGTTTTTTTCTTTGGACTTTATTGTTTTTTAACTTGGTTGTGT
TGTTGTTCATTGTTCTTTATTGGTATTGATATACCTAACTGTCACCTGTACAAAAAAAAAAAAAAA
AAA

SEQ ID NO: 26, Lycopersicon esculentum Lyces_GRF sequência de polipeptideo traduzida

MDFNMKQWSNQHESENQESPTKLPRLLLDFHSVSSDSASAAALPLFVSEPTTSTTTCTKLMSDSAT
TVTTKFPRIGSGGGYFSLAQWQELELHSLIFRHFVAGAPVPSELLHLVKKSIIASPPPPPSYYFAH
FYQQYPHYQQALMQSGYWGRAAMDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDVVAGQKYCERHVHRGRSRSRKPV
EIPTPANNGSKNNNTVSHHQAFGKMTGHAHAGGGAPQFSLSGHSPSTNAPFHLNQRPIKGPPQEVL
QKDVSIGDGKSSSGQILRHFFDDWPRQQLQEGDNAATSLSISMPGVGGNPSSDFSLKLSTGNYYDS
GTQVSNVERSTWGTSHHHVASMGGPLAEALRSSTTNSSPTSVLHQLARGSASEASYIST

SEQ ID NO: 27, Medicago truncatula Medtr_GRF sequência de ácido nucléico AC144645.17

ATGATGAGTGCAAGTTCAAGAAATAGGTCACTTTTCACACCAAATCAATGGCAAGAACTTGAACAA
CAAGCCCTAGTTTTTAAATACATGGTTACTGGAACACCTATTCCACCAGATCTCATATACTCTATT
AAGAGAAGTTTAGACACTTCAATATCTTCAAGAATCTTTCCTCATCCACCAATTGGGTGGGGATGT
TTTGAAATGGGATTTGGCAGAAAAGTAGACCCAGAGCCAGGGAGGTGCAGAAGAACAGATGGCAAG
AAATGGAGATGCTCAAAGGAAGCATATCCAGACTCAAAGTACTGTGAAAGACACATGCACAGAGGT
AGAAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAACTAGTAGTTTCTTCTTCAACAACAACACCAACAAATAAC
ACAAACACAGCATCTTCTTACAGCAACAGAAACATCTCCTTGAACAACAACAGCAGCAGCATAAAC
TCACCTTCTTCTTTCCCTTTCTCTACTTCATCCATGGCTTGTCATGATCAGTCACAATCTTTTTCA
CAATCCTACCAAAACTCTTCTTTAAACCCTTACTATTACTCTCAATCAATTACCTCTACTAACCCA
CTTGATCATTCTCATTTTCAAACTCAAGATGCTACTACTCATCACCTCTTTTTGGACTCAACATCT
TATTCTCAGGATGACAAGGACTTTAGGTATGTACAAGTTCAAGGAATAAGAGATGGTACTGTGGAT
GAGAGAACTTTCTTTCCAGAAGCTACAGGTTCATCTAGGAGCTGTTATCATGATTCATATCAACAA
CAACTATCAATGAATCCCTTTAAGTCTTACTCAAGCTCACAGTTTCAGAATATCAATGATGATAAT
TCAAGACAACAACAAGAACAACACTGTTTTGTTTTAGGCACTGACATCAAGTCAACAAGAACAACA
AACAAGGACAAAGAAAGTGAGACAACTCAGAAACCACTTCATCATTTCTTTGGTGAGTGGACACCA
AAGAACACAGATTCCTGGCTAGATCTTGCTTCTAACTCCAGAATTCCAACAGGTTGATTATCATTT
ATCATCATTCCTATGTTTTTGTTTTTTTTTTGTTATTATTAATA

SEQ ID NO: 28, Medicago truncatula Medtr_GRF sequência de polipeptideo traduzida

MMSASSRNRSLFTPNQWQELEQQALVFKYMVTGTPIPPDLIYSIKRSLDTSISSRIFPHPPIGWGC
FEMGFGRKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVELVVSSSTTTPTNN
TNTASSYSNRNISLNNNSSSINSPSSFPFSTSSMACHDQSQSFSQSYQNSSLNPYYYSQSITSTNP
LDHSHFQTQDATTHHLFLDSTSYSQDDKDFRYVQVQGIRDGTVDERTFTPEATGSSRSCYHDSYQQ
QLSMNPFKSYSSSQFQNINDDNSRQQQEQHCFVLGTDIKSTRTTNKDKESETTQKFLHHFFGEWTP
KNTDSWLDLASNSRIPTG

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 29, Medicago truncatula Medtr_GRF_like
sequência de ácido nucléico AC174350.4

ATGCATATGTTGACAATGGAAGCTAAACCTCTTCAACTTGTTCCCTCTTCACACAACAGCACAACT
GGTGGTGGACCCCAGATGAAGATTGAGAATGGTGAAGTTGATGAAGAGAAAAGGGTTGTTGTTGGA
GTGAAGGAAGATATAGAAAACAAGCCTTTGATCACAGAAGCTCAAAGGCGTGAACTTGATCATCAA
GTTTTTATTTTTAATCATTTTGCTTATAATCTTCCTCTTCCTTATTACCTTTTGCAATTTCCAAGT
AATATGTCAGAGTACAGTCGTCGTGGGTCTGATTATGTGACTATGGTGGATCAAGAACCACATAGG
TGTAGAAGAACTGACGGAAAGAAATGGAGGTGCGGCAAGGACACAGTACCTAATCAGAAGTATTGT
GAACGTCACATGCACAGAGGTCGAAATCGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAACATCTCAACTTAACTCT
CCTTTGAAAACAAATCCTAGTGGTGGTGGCAAGTCACATGCAAAACTAGTCCCAAACATTAAATCT
TCAGTTTCAAATCCAAACCCTTTGATTATTCATCACAATGGCACATTCTCATACAATCCGAGGACC
TTCTGCGTTGTAGATACTTCTTCTGTTTGTGATCGGTCGAGACATGTCATAGATTATGGTGCCACT
GCAGTGACAACTTCGGGAAGCACGACATCCGTTTCTTTGGATAACAGAGTTTGTCCTAACGTATGC
AAGCAAGATGAGCAGATCAAGAGGTGTATCACCGACAACGTGGGTATTAAAAGTGGTCGGAAAGGA
AGCATATCTTGTGAAAGTATTGGCATCTCTACTGGAATAGGCTTTTCCCCAAAGAGTGTTCTTCCA
GTTTCTGGTTGCAATGATTCATACCTCAACAACAGAAACAATATATTAGAACCTGAACCCGGTAGA
TGCCGAAGAACAGATGGTAAGAAGTGGCGATGCAAGAGTGCGGTTCTTCCAGGTCAGAAGTATTGT
GCAACACATATGCATAGAGGTGCTAAAAGGCGTTTTACAAACCTCGAATCTCCTCCTCCTGCCACC
ACTGTTATTCCTAAAACTACTGATATTAGTTCAGCTGTTACCATTGCTCAGTTGCCCGACCCTTCG
GCTCCAATCGACATCCAGAAAGCGAATTGTTGGTCTCCGAGCACTAAGCTTTCAATGTCGGTTCAA
GAAAGTGCGCCCTTTGTTGATTGTAATGAGAAAAGTGTTAGCAGCGGTGACACGGATGGTACTAGT
ACCACCATCACTGACACCATGAATGAGTGTAGCTATCTTTCTTTCTAA

SEQ ID NO: 30, Medicago truncatula Medtr_GRF_like
sequência de polipeptídeo traduzida

MHMLTMEAKPLQLVPSSHNSTTGGGPQMKIENGEVDEEKRVVVGVKEDIENKPLITEAQRRELDHQ
VFIFNHFAYNLPLPYYLLQFPSNMSEYSRRGSDYVTMVDQEPHRCRRTDGKKWRCGKDTVPNQKYC
ERHMHRGRNRSRKLVETSQLNSPLKTNPSGGGKSHAKLVPNIKSSVSNPNPLIIHHNGTFSYNPRT
FCVVDTSSVCDRSRHVIDYGATAVTTSGSTTSVSLDNRVCPNVCKQDEQIKRCITDNVGIKSGRKG
SISCESIGISTGIGFSPKSVLPVSGCNDSYLNNRNNILEPEPGRCRRTDGKKWRCKSAVLPGQKYC
ATHMHRGAKRRFTNLESPPPATTVIPKTTDISSAVTIAQLPDPSAPIDIQKANCWSPSTKLSMSVQ
ESAPFVDCNEKSVSSGDTDGTSTTITDTMNECSYLSF

SEQ ID NO: 31, Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g47280
sequência de ácido nucléico

ATGGCGATGCCGTATGCCTCCCTGTCTCCGGCGGTGGCCGACCACCGCTCGTCCCCGGCAGCCGCG
ACCGCCTCCCTCCTCCCCTTCTGCCGCTCCACCCCGCTCTCCGCGGGCGGTGGTGGCGTCGCGATG
GGGGAGGACGCGCCGATGACCGCGAGGTGGCCGCCGGCGGCGGCGGCGAGGCTGCCGCCGTTCACC
GCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATATACAAGTACCTGGTGGCAGGCGTGCCC
GTCCCGCCGGATCTCGTGCTCCCCATCCGCCGCGGACTCGACTCCCTCGCCGCCCGCTTCTACAAC
CATCCCGCCCTTGGATATGGTCCGTACTTCGGCAAGAAGCTGGACCCAGAGCCAGGGCGGTGCCGG
CGTACGGACGGCAAGAAATGGCGGTGCTCGAAGGAGGCCGCGCCGGATTCCAAGTACTGCGAGCGC
CACATGCACCGCGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACGCAGCTGGTCGCCCAGTCCCAA
CCGCCCTCATCTGTTGTCGGTTCTGCGGCGGCGCCCCTTGCTGCTGCCTCCAATGGCAGCAGCTTC
CAAAACCACTCTCTTTACCCTGCTATTGCCGGCAGCAATGGCGGGGGCGGGGGGAGGAACATGCCC
AGCTCATTTGGCTCGGCGTTGGGTTCTCAGCTGCACATGGATAATGCTGCCCCTTATGCAGCTGTT
GGTGGTGGAACAGGCAAAGATCTCAGGTATACTGCTTATGGCACAAGATCTTTGGCGGATGAGCAG
AGTCAACTCATTACTGAAGCTATCAACACATCTATTGAAAATCCATGGCGGCTGCTGCCATCTCAG

FIGURA 5 cont.

AACTCGCCATTTCCCCTTTCAAGCTATTCTCAGCTGGGGGCACTAAGTGACCTTGGTCAGAACACC
CCCAGCTCACTTTCAAAGGTTCAGAGGCAGCCACTTTCGTTCTTTGGGAACGACTATGCGGCTGTC
GATTCTGTGAAGCAAGAGAACCAGACGCTGCGTCCCTTCTTTGATGAGTGGCCAAAGGGAAGGGAT
TCATGGTCAGACCTCGCTGATGAGAATGCTAATCTTTCGTCATTCTCAGGCACCCAACTGTCGATC
TCCATACCAATGGCATCCTCTGACTTCTCGGCGGCCAGTTCTCGATCAACTAATGGTGACTGA

SEQ ID NO: 32, Oryza sativa Orysa_GRF_ Os02g47280.2
sequência de polipeptídeo traduzida
MAMPYASLSPAVADHRSSPAAATASLLPFCRSTPLSAGGGGVAMGEDAPMTARWPPAAAARLPPFT
AAQYEELEQQALIYKYLVAGVPVPPDLVLPIRRGLDSLAARFYNHPALGYGPYFGKKLDFEPGRCR
RTDGKKWRCSKEAAPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVETQLVAQSQPPSSVVGSAAAPLAAASNGSSF
QNHSLYPAIAGSNGGGGGRNMPSSFGSALGSQLHMDNAAPYAAVGGGTGKDLRYTAYGTRSLADEQ
SQLITEAINTSIENPWRLLPSQNSPFPLSSYSQLGALSDLGQNTPSSLSKVQRQPLSFFGNDYAAV
DSVKQENQTLRPFFDEWPKGRDSWSDLADENANLSSFSGTQLSISIPMASSDFSAASSRSTNGD

SEQ ID NO: 33, Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g53690
sequência de ácido nucléico
ATGATGATGATGAGCGGTCGCCCGAGCGGCGGCGCCGGCGGAGGTCGGTACCCGTTCACGGCGTCG
CAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAGGCGCTCATCTACAAGTACATGGCGTCCGGGACTCCCATCCCC
TCCGACCTCATCCTCCCCCTCCGCCGCAGCTTCCTCCTCGACTCCGCCCTCGCCACCTCCCCTTCC
CTCGCCTTCCCTCCCCAACCTTCACTGGGGTGGGGTTGCTTTGGCATGGGGTTTGGGCGGAAGGCG
GAGGACCCGGAGCCAGGGCGATGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCG
TACCCGGACTCCAAGTACTGCGAGAAGCACATGCACCGTGGCAAGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTG
GAAATGTCCTTGGCCACGCCGCCGCCGCCGTCCTCCTCCGCCACCTCCGCCGCGTCGAACACCTCC
GCCGGCGTCGCCCCCACCACCACCACCACCTCCTCCCCGGCGCCCTCCTACAGCCGCCCGGCGCCG
CACGACGCGGCGCCGTACCAGGCGCTCTACGGCGGGCCCTACGCCGCGGCCACCGCGCGCACCCCC
GCCGCCGCGGCGTACCACGCGCAGGTGAGCCCGTTCCACCTCCAGCTCGACACCACCCACCCGCAC
CCGCCGCCGTCCTACTACTCCATGGACCACAAGGAGTACGCGTACGGGCACGCCACCAAGGAGGTG
CACGGCGAGCACGCCTTCTTCTCCGATGGCACCGAGAGGGAGCACCACCACGCCGCCGCCGGGCAC
GGCCAGTGGCAGTTCAAGCAGCTCGGCATGGAGCCCAAGCAGAGCACCACGCCTCTCTTCCCGGGC
GCCGGCTACGGCCACACCGCGGCGTCGCCGTACGCCATTGATCTTTCAAAAGAGGACGACGATGAG
AAAGAGAGGCGGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCACTGCTTCCTCCTGGGCGCCGACCTC
CGTCTGGAGAAGCCGGCGGGCCACGACCACGCGGCGGCGGCGCAGAAACCTCTCCGCCACTTCTTC
GACGAGTGGCCGCATGAGAAGAACAGCAAGGGCTCCTGGATGGGGCTCGAAGGCGAGACGCAGCTG
TCCATGTCCATCCCCATGGCCGCCAACGACCTCCCGATCACCACCACCTCCCGCTACCACAATGAT
GATTAA

SEQ ID NO: 34, Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g53690
sequência de polipeptídeo traduzida
MMMMSGRPSGGAGGGRYPFTASQWQELEHQALIYKYMASGTPIPSDLILPLRRSFLLDSALATSPS
LAFPPQPSLGWGCFGMGFGRKAEDFEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSRKPV
EMSLATPPPPSSSATSAASNTSAGVAPTTTTTSSPAPSYSRPAPHDAAPYQALYGGPYAAATARTP
AAAAYHAQVSPFHLQLDTTHPHPPPSYYSMDHKEYAYGHATKEVHGEHAFFSDGTEREHHHAAAGH
GQWQFKQLGMEPKQSTTPLFPGAGYGHTAASPYAIDLSKEDDDEKERRQQQQQQQQHCFLLGADL
RLEKPAGHDHAAAAQKPLRHFFDEWPHEKNSKGSWMGLEGETQLSMSIPMAANDLPITTTSRYHND
D

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 35, Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g51970.1

sequência de ácido nucléico

ATGCAGGGTGCAATGGCCAGGGTGAGGGGTCCCTTCACGCCGTCTCAGTGGATCGAGCTGGAGCAC
CAGGCGCTGATATACAAGTACTTGGCTGCGAATAGCCCTGTACCACACAGCCTCCTCATCCCCATC
AGGAGGAGCCTCACATCGCCCTACTCACCTGCCTACTTTGGCTCAAGCACATTGGGATGGGGATCT
TTCCAGCTGGGCTACTCCGGCAGCGCGGATCCGGAGCCCGGCCGGTGCCGCCGGACGGACGGCAAG
AAATGGCGGTGCTCGAGGGATGCGGTCGCCGACCAGAAGTACTGTGAGCGACACATGAACCGGGGA
CGCCACCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGGCCAGCCTGGCCATGCCGCGAAAGCGATGCCCGCGGCG
GTGGCAGCAGCCGCTGCCTCTGCTACCCAGCCTAGTGCTCCGGCCGCCCACAGTGGCGGAGCTGTT
GCTGGCCTCGCTATCAACCATCAGCACCAGCAAATGAAGAACTACGCTGCCAACACTGCCAATCCT
TGCTCTCTGCAATATAGCAGGGATCTGGCAAACAAGCATAATGAGAGTGAACAAGTGCAAGACTCA
GACAGTCTCTCGATGCTGACTTCCATTAGCACGAGAAATACGGGCAGCCTGTTTCCGTTCTCAAAA
CAACATAATCCTTTTGAAGTGTCCAACTCAAGGCCAGATTTTGGCCTAGTATCACCTGATTCACTG
ATGAGTTCTCCTCATAGCTCCTTGGAGAACGTCAATTTGCTCACTTCGCAGAGTCTGAATGAACAA
CAGAGTTCAGTTTCCCTTCAACACTTTGTGGACTGGCCAAGGACACCTGCACAAGGAGCTCTCGCA
TGGCCTGATGCTGAAGACATGCAAGCTCAGAGAAGCCAGCTCTCAATATCTGCTCCAATGGCGTCT
TCTGACCTGTCATCAGCCTCAACATCTCCCATCCATGAGAAGCTGATGTTGTCACCACTTAAACTG
AGCCGTGAATATAGTCCTATTGGTCTCGGTTTTGCAGCAAATAGAGATGAGGTTAACCAGGGAGAA
GCAAACTGGATGCCTATGTTCCGTGATTCTTTGATGGGCGGACCATTGGGAGAGGTTTTAACCAAG
AATAACAACATGGAAGCAAGGAATTGCCTATCGGAGTCTCTGAATCTTTTAAATGATGGCTGGGAT
TCAAGCTCAGGGTTTGATTCATCCCCAGTTGGTGTTCTGCAGAAGACCACCTTTGGATCAGTATCC
AGTAGCACCGGAAGCAGTCCTAGACTGGAGAATCATAGTGTTTATGATGGCAACAGTAACCTGCGG
GATGATCTCCGTTCAGTTGTTGTAAATCATCCGAGCATCCGCCTGGTGTGA

SEQ ID NO: 36, Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g51970.1

sequência de polipeptideo traduzida

MQGAMARVRGPFTPSQWIELEHQALIYKYLAANSPVPHSLLIPIRRSLTSPYSPAYFGSSTLGWGS
FQLGYSGSADPEPGRCRRTDGKKWRCSEDAVADQKYCERHMNRGRHRSRKHVEGQPGHAAKAMPAA
VAAAAASATQPSAPAAHSGGAVAGLAINHQHQQMKNYAANTANPCSLQYSRDLANKHNESEQVQDS
DSLSMLTSISTRNTGSLFPFSKQHNPFEVSNSRPDFGLVSPDSLMSSPHSSLENVNLLTSQSLNEQ
QSSVSLQHFVDWFRTPAQGALAWPDAEDMQAQRSQLSISAPMASSDLSSASTSPIHEKLMLSPLKL
SREYSPIGLGFAANRDEVNQGEANWMPMFRDSLMGGPLGEVLTKNNNMEARNCLSESLNLLNDGWD
SSSGFDSSPVGVLQKTTFGSVSSSTGSSFRLENHSVYDGNSNLRDDLGSVVVNHPSIRLV

SEQ ID NO: 37, Oryza sativa Orysa_GRF_Os04g48510.1

sequência de ácido nucléico

ATGTTGGCCGAGGGAAGGCAAGTCTACTTGCCGCCGCCGCCGCCGTCCAAGCTTCCTCGTCTCTCC
GGCACCGATCCAACCGACGGCGTGGTGACGATGGCAGCGCCGTCGCCGCTGGTTCTTGGGCTGGGT
CTCGGTCTGGGCGGCAGCGGCAGCGACAGCAGTGGGAGCGACGCGGAAGCGTCTGCGGCCACCGTG
CGGGAGGCGCGGCCGCCGTCGGCGCTGACGTTCATGCAGCGGCAGGAGCTGGAGCAGCAGGTGCTC
ATCTACCGCTACTTCGCCGCCGGCGCGCCTGTGCCGGTTCACCTCGTGCTGCCCATATGGAAGAGC
ATCGCCGCCGCCTCCTCGTTCGGCCCGCAAAGCTTTCCCTCCCTGACGGGCCTGGGGAGCCTGTGC
TTCGACTACAGGAGCAGCATGGAGCCGGAGCCGGGGCGGTGCCGGCGCACGGACGGCAAGAAGTGG
CGGTGCTCGCGCGACGTGGTGCCGGGGCACAAGTATTGCGAGCGGCACGTCCACCGTGGCCGCGGC
CGTTCAAGAAAGCCTATGGAAGCCTCTGCAGCAGTCGCTCCCACATATCTCCCGGTCCGGCCGGCA
CTCCACACCGTCGCCACCCTCGCCACCAGCGCGCCATCGCTGTCGCACCTCGGTTTCTCCTCCGCC
AGCAAAGTGCTCCTCGCCCACACCACCACCGGCACCACGCGCGCTACTTGA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 38, Oryza sativa Orysa_GRF_Os04g48510.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MLAEGRQVYLPPPPPSKLPRLSGTDPTDGVVTMAAPSPLVLGLGLGLGGSGSDSSGSDAEASAATV
REARPPSALTFMQRQELEQQVLIYRYFAAGAPVPVHLVLPIWKSIAAASSFGPQSFPSLTGLGSLC
FDYRSSMEPEPGRCRRTDGKKWRCSRDVVPGHKYCERHVHRGRGRSRKPMEASAAVAPTYLPVRPA
LHTVATLATSAPSLSHLGFSSASKVLLAHTTTGTTRAT

SEQ ID NO: 39, Oryza sativa Orysa_GRF_Os04g51190.1
sequência de ácido nucléico

ATGGCGATGCCCTTTGCCTCCCTGTCGCCGGCAGCCGACCACCGGCCCTCCTTCATCTTCCCCTTC
TGCCGCTCCTCCCCTCTCTCCGCGGTCGGGGAGGAGGCGCAGCAGCACATGATGGGCGCGAGGTGG
GCGGCGGCGGTGGCCAGGCCGCCGCCCTTCACGGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCG
CTCATATACAAGTACCTCGTCGCCGGCGTGCCCGTCCCGGCGGATCTCCTCCTCCCCATCCGCCGT
GGCCTCGACTCACTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCCTGTCCTTGGATACGGTTCCTACTTCGGC
AAGAAGCTGGACCCGGAGCCCGGACGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAG
GAGGCCGCGCCGGACTCCAAGTACTGTGAGCGACACATGCACCGCGGCCGCAACCGTTCAAGAAAG
CCTGTGGAAGCGCAGCTCGTCGCCCCCCACTCGCAGCCCCCCGCCACGGCGCCGGCCGCCGCCGTC
ACCTCCACCGCCTTCCAGAACCACTCGCTGTACCCGGCGATTGCTAATGGCGGCGGCGCCAACGGA
GGCGGTGGTGGTGGTGGCGGTGGCGGCAGCGCGCCTGGCTCGTTCGCCTTGGGGTCTAATACTCAG
CTGCACATGGACAATGCTGCGTCTTACTCGACTGTTGCTGCTGGTGCCGGAAACAAAGATTTCAGG
TATTCTGCTTATGGAGTGAGACCATTGGCAGATGAGCACAGCCCACTCATCACTGGAGCTATGGAT
ACCTCTATTGACAATTCGTGGTGCTTGCTGCCTTCTCAGACCTCCACATTTTCAGTTTCGAGCTAC
CCTATGCTTGGAAATCTGAGTGAGCTGGACCAGAACACCATCTGCTCGCTGCCGAAGGTGGAGAGG
GAGCCATTGTCATTCTTCGGGAGCGACTATGTGACCGTCGACTCCGGGAAGCAGGAGAACCAGACG
CTGCGCCCCTTTTTCGACGAGTGGCCAAAGGCAAGGGACTCCTGGCCTGATCTAGCTGATGACAAC
AGCCTTGCCACCTTCTCTGCCACTCAGCTCTCGATCTCCATTCCAATGGCAACCTCTGACTTCTCG
ACCACCAGCTCACGATCACACAACGGTATATACTCCCGATGA

SEQ ID NO: 40, Oryza sativa Orysa_GRF_Os04g51190.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MAMPFASLSPAADHRPSFIPPFCRSSPLSAVGEEAQQHMMGARWAAAVARPPPFTAAQYEELEQQA
LIYKYLVAGVPVPADLLLPIRRGLDSLASRFYHHPVLGYGSYFGKKLDPEPGRCRRTDGKKWRCSK
EAAPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVEAQLVAPHSQPPATAPAAAVTSTAFQNHSLYPAIANGGGANG
GGGGGGGGGSAPGSFALGSNTQLHMDNAASYSTVAAGAGNKDFRYSAYGVRPLADEHSPLITGAMD
TSIDNSWCLLPSQTSTFSVSSYPMLGNLSELDQNTICSLPKVEREPLSFFGSDYVTVDSGKQENQT
LRPFFDEWPKARDSWPDLADDNSLATFSATQLSISIPMATSDFSTTSSRSHNGIYSR

SEQ ID NO: 41, Oryza sativa Orysa_GRF_LOC_Os06g02560.1
sequência de ácido nucléico

ATGCTGAGCTCGTCGCCCTCGGCGGCGGCGCCGGGGATAGGAGGGTACCAGCCGCAGCGCGGGGCG
GCGGTCTTCACGGCGGCGCAGTGGGCGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATTTACAAGTACCTCGTC
GCCGGTGTCCCCGTCCCGGGCGATCTCCTCCTCCCAATCCGCCCCCACTCCTCCGCCGCCGCCACC
TACTCCTTCGCCAACCCCGCCGCCGCGCCCTTCTACCACCACCACCACCACCCCTCTCTGAGCTAT
TATGCCTACTATGGCAAGAAGCTTGACCCTGAGCCGTGGCGTTGCCGCCGCACCGACGGCAAGAAG
TGGCGGTGCTCCAAGGAGGCGCACCCCGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGC
AACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCCAAGACCGCTGCCCCTGCGCCCCAGTCGCAGCCCCAGCTG
TCCAATGTCACGACCGCGACTCACGACACCGATGCGCCTCTCCCGTCACTCACTGTGGGTGCTAAA
ACCCACGGTCTGTCCCTTGGTGGTGCTGGCTCGTCGCAGTTCCATGTCGACGCACCATCGTACGGC

FIGURA 5 cont.

AGCAAGTACTCTCTTGGAGCTAAAGCTGATGTGGGTGAACTGAGCTTCTTCTCAGGAGCATCAGGA
AACACCAGGGGCTTCACCATTGATTCTCCAACAGATAGCTCATGGCATTCACTGCCTTCCAGTGTA
CCCCCATACCCGATGTCAAAGCCAAGGGACTCTGGCCTCCTACCAGGTGCCTACTCCTACTCCCAC
CTTGAACCTTCACAGGAACTTGGCCAGGTCACCATCGCCTCGCTGTCCCAAGAGCAGGAGCGCCGC
TCTTTTGGTGGTGGAGCGGGGGGGATGCTAGGAAATGTGAAGCACGAGAACCAGCCGCTGAGGCCT
TTCTTCGATGAGTGGCCTGGGAGGCGAGACTCGTGGTCGGAGATGGATGAGGAGAGGTCCAACCAG
ACCTCCTTCTCGACAACCCAGCTCTCGATCTCCATCCCGATGCCCAGATGTGGGTCCCCTATCGGT
CCGCGTCTACCTTGA

SEQ ID NO: 42, Oryza sativa Orysa_GRF_LOC_Os06g02560.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MLSSSPSAAAPGIGGYQPQRGAAVFTAAQWAELEQQALIYKYLVAGVPVPGDLLLPIRPHSSAAAT
YSFANPAAAPFYHHHHHPSLSYYAYYGKKLDPEPWRCRRTDGKKWRCSKEAHPDSKYCERHMHRGR
NRSRKPVESKTAAPAPQSQPQLSNVTTATHDTDAPLPSLTVGAKTHGLSLGGAGSSQFHVDAPSYG
SKYSLGAKADVGELSFFSGASGNTRGFTIDSPTDSSWHSLPSSVPPYPMSKPRDSGLLPGAYSYSH
LEPSQELGQVTIASLSQEQERRSFGGGAGGMLGNVKHENQPLRFFFDEWFGRRDSWSEMDEERSNQ
TSFSTTQLSISIPMPRCGSPIGPRLP

SEQ ID NO: 43, Oryza sativa Orysa_GRF_Os11g35030.1
sequência de ácido nucléico

ATGCTGAGCTCTTGTGGTGGCCATGGCCATGGAAATCCAAGAAGCTTGCAAGAAGAACACCATGGC
AGATGTGGTGAGCAGCAAGGTGGAGGAGGAGGAGGAGGGCAAGAGCAAGAGCAAGATGGGTTCTTG
GTGAGAGAGGCAAGGGCATCCCCACCATCTCCATCTTCTTCATCATTTCTTGGATCCACAAGCTCT
TCTTGTTCTGGAGGAGGAGGAGGAGGGCAGATGTTGAGCTTCTCCTCCCCCAATGGAACAGCAGGG
TTGGGCTTGAGCTCAGGAGGAAGCATGCAGGGGGTCTTGGCAAGGGTCAGGGGGCCGTTCACCCCA
ACACAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCACTGATCTACAAGCACATTGCTGCAAATGTTTCTGTC
CCTTCCAGCTTGCTCCTCCCCATCAGGAGAAGCCTCCATCCATGGGGATGGGGATCATTCCCTCCT
GGCTGTGCTGATGTAGAACCCAGAAGATGCCGCCGCACAGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAGA
GATGCTGTTGGGGATCAGAAGTATTGTGAGCGACACATAAACCGTGGTCGCCATCGTTCAAGAAAG
CATGTGGAAGGCCGAAAGGCGACACTCACCATTGCAGAACCATCCACGGTTATTGCTGCTGGTGTA
TCATCTCGCGGCCACACTGTGGCTCGGCAGAAGCAGGTGAAAGGCTCAGCTGCTACTGTCTCTGAT
CCTTTCTCGAGACAATCCAACAGGAAATTTCTGGAGAAACAGAACGTTGTCGACCAATTGTCTCCC
ATGGATTCATTTGATTTCTCATCCACACAATCTTCTCCAAACTATGACAATGTAGCATTGTCACCA
CTGAAGTTGCACCATGATCATGATGAATCTTACATCGGGCATGGAGCAGGCAGTTCATCAGAAAAA
GGCAGTATGATGTACGAAAGTCGGTTAACAGTCTCTAAGGAAACACTTGATGATGGACCTTTAGGT
GAAGTTTTCAAAAGAAAGAATTGCCAATCAGCTTCTACAGAAATCTTAACTGAAAAATGGACTGAG
AACCCCAACTTACATTGCCCATCTGGAATCCTACAAATGGCTACTAAGTTCAATTCAATTTCCAGC
GGCAACACAGTAAATAGTGGTGGCACCGCAGTGGAGAATCTTATCACTGATAATGGATATCTTACT
GCAAGAATGATGAATCCTCATATTGTCCCAACACTTCTCTAA

SEQ ID NO: 44, Oryza sativa Orysa_GRF_Os11g35030.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MLSSCGGHGHGNPRSLQEEHHGRCGEQQGGGGGGGQEQEQDGFLVREARASPPSPSSSSFLGSTSS
SCSGGGGGGQMLSFSSPNGTAGLGLSSGGSMQGVLARVRGPFTPTQWMELEHQALIYKHIAANVSV
PSSLLLPIRRSLHPWGWGSPPPGCADVEPRRCRRTDGKKWRCSRDAVGDQKYCERHINRGRHRSRK
HVEGRKATLTIAEPSTVIAAGVSSRGHTVARQKQVKGSAATVSDPFSRQSNRKFLEKQNVVDQLSP
MDSFDFSSTQSSPNYDNVALSPLKLHHDHDESYIGHGAGSSSEKGSMMYESRLTVSKETLDDGPLG
EVFKRKNCQSASTEILTEKWTENPNLHCPSGILQMATKFNSISSGNTVNSGGTAVENLITDNGYLT
ARMMNPHIVPTLL

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 45, Oryza sativa Orysa_GRF_LOC_Os12g29980.1
sequência de ácido nucléico

ATGGCAATGGCGACCCCTACGACCAACGGCAGCTTCCTTCTTGGATCAGGTGGCTATCCCGGTGCC
CAGATTCTAAGCTTCTCCTCCTCAGGTCACAGCGGCAATGGGTTGGATTGTGGAAGCTCAGATGTG
GCAAGAATGCAGGGGGTTTTAGCAAGGGTTAGGGGGCCATTCACACCAACACAATGGATGGAGCTG
GAGCACCAGGCTCTGATCTACAAGCACATTGTGGCGAATGCGCCGGTACCGGCCGGCTTGCTCCTC
CCCATCAGGAGAAGCCTCCATCCACCAGTGTTCCCACACTTCTCCTCTGGTGGCATTCTTGGCTCC
AGCTCCTTGGGATGGGGGTCATTTCAGCTGGGCTATTCTGGGAGTGCTGACTCCGAGCCCGGGAGA
TGCCGTCGAACCGATGGCAAGAAATGGCGGTGCTCGAGAGACGCAGTTGTCGACCAAAAGTACTGC
GAGCGGCACATAAACCGGGGTCGCCACCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGGCCAATCTAGCCATGCC
GCAAAAGCAACGGTTCCCGCCATAGCACAACCACCCATTGGTGCATCTAATGGCAAATTGTCAGGC
AGCCATGGTGTGTCAAATGAGCTCACGAAAACCTTGGCTACTAACAGGATGATGTTGGATAAAGCA
AATCTTATTGAACGCTCCCAGGACTACACTAATCAGCAACACAACATCCTACAGAACAACACAAAA
GGTGATAATTGGTCTGAAGAGATGTCCTCACAAGCAGACTATGCAGTAATCCCTGCTGGCTCTCTC
ATGAACACACCGCAATCGGCGAATTTAAATCCAATTCCCCAGCAACAACGCTGTAAGCAGTCACTC
TTTGGCAAAGGGATACAGCATGATGACATTCAGCTGTCGATATCCATTCCCGTGGATAACTCCGAC
TTACCCACTAACTACAACAAGGCTCAAATGGACCATGTAGTAGGCGGTTCATCGAATGGCGGAAAC
AACACGCGAGCAAGTTGGATACCGGGCTCCTGGGAAGCGTCCATAGGTGGACCTCTGGGTGAGTTC
TTCACCAACACCAGCAGCGCATCAGACGACAAAGGCAAAAGCCGCCACCCGCCATCTTTGAACCTC
TTAGCTGATGGACATACTACAAGTCCACAGCTGCAATCGCCCACCGGAGTCCTGCAGATGACTAGC
TTCAGTTCAGTGCCCAGCAGCACTGTTAGTAGTCCTGCAGGCAGCCTCTGCAATGGCTTGCTCACT
TCAGGCCTGGTGAATGCCCAGACTGTCCAAACACTGTGA

SEQ ID NO: 46. Oryza sativa Orysa_GRF_LOC_Os12g29980.1
sequência de polipeptídeo traduzida

MAMATPTTNGSFLLGSGGYFGAQILSFSSSGHSGNGLDCGSSDVARMQGVLARVRGPFTPTQWMEL
EHQALIYKHIVANAPVPAGLLLPIRRSLHPPVFPHFSSGGILGSSSLGWGSFQLGYSGSADSEPGR
CRRTDGKKWRCSRDAVVDQKYCERHINRGRHRSRKHVEGQSSHAAKATVPAIAQPPIGASNGKLSG
SHGVSNELTKTLATNRMMLDKANLIERSQDYTNQQHNILQNNTKGDNWSEEMSSQADYAVIPAGSL
MNTPQSANLNPIPQQQRCKQSLFGKGIQHDDIQLSISIPVDNSDLFTNYNKAQMDHVVGGSSNGGN
NTRASWIPGSWEASIGGPLGEFFTNTSSASDDKGKSRHPPSLNLLADGHTTSPQLQSPTGVLQMTS
FSSVPSSTVSSPAGSLCNGLLTSGLVNAQTVQTL

SEQ ID NO: 47, Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g47140.1
sequência de ácido nucléico

ATGTTTGCTGACTTCTCTGCTGCTGCCATGGAGCTTGGAGAGGTGTTGGGCTTGCAAGGACTCACA
GTGCCATCCACCAAGGAGGGTGATCTGAGCCTCATCAAGAGAGCTGCTGCTGGTAGCTTCACCCAG
GCTGCTGCTGCATCATACCCTTCCCCCTTTCTTGATGAACAGAAGATGCTCAGATTCGCCAAGGCT
GCTCACACATTGCCATCAGGTTTGGATTTTGGGAGGGAAAATGAGCAGAGGTTCTTGTTGTCTAGG
ACCAAGAGGCCTTTCACTCCCTCACAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTCATTTACAAGTAT
CTCAATGCAAAGGCCCCTATACCTTCCAGCCTGCTCATTTCAATCAGCAAAAGCTTCAGATCATCA
GCTAACAGAATGAGCTGGAGGCCTCTCTATCAAGGCTTCCCAAATGCAGACTCTGACCCAGAACCT
GGAAGATGCCGTCGAACAGATGGCAAGAAATGGCGGTGTTCAAAGGAGGCCATGGCCGACCACAAG
TATTGTGAGAGGCACATCAACAGAAACCGCCACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAAACCAAAGTAGA
AAGACTGTGAAAGAGACACCGTGTGCTGGCTCATTGCCATCTTCTGTCGGGCAGGGCAGCTTCAAG
AAGGCAAAAGTTAATGAAATGAAGCCACGCAGTATCAGCTATTGGACAGATAGTTTGAACAGGACA
ATGGCGAACAAAGAGAAAGGAAACAAAGCTGCTGAAGAAAACAATGGCCCACTGCTAAATTTAACG
AATCAACAGCCAACATTGTCCCTGTTCTCTCAGTTGAAGCAACAGAACAAACCGGAGAAGTTCAAT

FIGURA 5 cont.

ACAGCAGGAGACAGTGAATCGATTTCTTCAAATACCATGTTGAAGCCTTGGGAGAGCAGCAACCAG
CAGAACAACAAAAGCATTCCTTTCACCAAGATGCATGATCGTGGATGCCTTCAGTCAGTCCTTCAG
AATTTCAGCTTGCCTAAGGACGAGAAAATGGAGTTTCAGAAAAGCAAAGATTCCAATGTCATGACA
GTTCCATCAACTTTCTATTCCTCGCCAGAGGACCCACGCGTCAGCTGCCATGCACCTAATATGGCA
CAAATGCAAGAGGATAGCATCTCAAGTTCTTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCTAGGTGAGATC
TTGACAAACTCCAAAAATCCTGACGATTCAATCATGAAACCAGAAGCAAGGCCATATGGTTGGTTA
CTGAACCTCGAGGATCATGCAATGTGA

SEQ ID NO: 48, Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g47140.1
sequência de polipeptideo traduzida

MFADFSAAAMELGEVLGLQGLTVPSTKEGDLSLIKRAAAGSFTQAAAASYPSPFLDEQKMLRFAKA
AHTLPSGLDFGRENEQRFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALIYKYLNAKAPIFSSLLISISKSFRSS
ANRMSWRPLYQGFPNADSDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAMADHKYCERHINRNRHRSRKPVENQSR
KTVKETPCAGSLPSSVGQGSFKKAKVNEMKPRSISYWTDSLNRTMANKEKGNKAAEENNGPLLNLT
NQQPTLSLFSQLKQQNKPEKFNTAGDSESISSNTMLKPWESSNQQNNKSIPFTKMHDRGCLQSVLQ
NFSLPKDEKMEFQKSKDSNVMTVPSTFYSSPEDFRVSCHAPNMAQMQEDSISSSWEMPQGGPLGEI
LTNSKNPDDSIMKPEARPYGWLLNLEDHAM

SEQ ID NO: 49, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115447910 ref_NM_001054270.1 sequência de ácido nucléico

GACAACTCACTGCCCCCCATCTTCTTTCTTCATTCCTCTTCCCACCAAGAACCCCAAACCTTACCT
CCATTGAGTTCGAAACCGAGGAGCGAGGAGTTACAAGCCGAGTTGTCAGAATGGATGAGGAGAAGG
AAGCCGACTCGCCGCAGCCACCGTCCAAGCTGCCTCGCCTCTCCGGCGCTGACCCGAATGCCGGAG
TGGTGACCATGGCAGCACCCCCGCCGCCGGTGGGTCTTGGGCTGGGGCTTGGACTCGGCGGCGACA
GCCGCGGCGAGCGTGACGTGGAAGCGTCGGCGGCGGCGGCGCACAAGGCGACGGCGCTGACGTTCA
TGCAGCAGCAGGAGCTGGAGCACCAGGTGCTCATCTACCGCTACTTCGCCGCGGGCGCGCCCGTGC
CGGTGCACCTCGTGCTCCCCATCTGGAAGAGCGTCGCGTCCTCCTCCTTCGGCCCGCACCGCTTCC
CTTCCCTGGCAGTGATGGGGTTGGGGAACCTGTGCTTCGACTACCGGAGCAGCATGGAGCCGGACC
CAGGGCGGTGCAGGCGCACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCGCGCGACGTGGTGCCGGGGCACA
AGTACTGCGAGCGGCACGTCCACCGCGGACGCGGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGCCTCCGCGG
CCGCCACCCCGGCGAACAACGGCGGCGGCGGTGGCATCGTCTTCTCCCCCACCAGCGTCCTCCTCG
CCCACGGCACCGCGCGCGCCACCTGACCAGTGACCAGACCGGCGCCCGTTTGTTTGTTTGTCTCGG
CGCATGGGAAAACCCAAATCCGCAGGGATTATGTCATGTCCTGTAACTCTTTTTTTCCTCGCAACT
TTTGAAGCCAAAACAATTCTCACCGTGTTCGATGGC

SEQ ID NO: 50, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115447910 ref_NM_001054270.1 sequência de polipeptideo traduzida

MDEEKEADSPQPPSKLPRLSGADPNAGVVTMAAPPPPVGLGLGLGLGGDSRGERDVEASAAAAHKA
TALTFMQQQELEHQVLIYRYFAAGAPVPVHLVLPIWKSVASSSFGPHRFPSLAVMGLGNLCFDYRS
SMEPDPGRCRRTDGKKWRCSRDVVPGHKYCERHVHRGRGRSRKPVEASAAATPANNGGGGGIVFSP
TSVLLAHGTARAT

SEQ ID NO: 51, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115460325 ref_NM_001060298.1 sequência de ácido nucléico

ATGCCCTTTGCCTCCCTGTCGCCGGCAGCCGACCACCGGCCCTCCTTCATCTTCCCCTTCTGCCGC
TCCTCCCCTCTCTCCGCGGTCGGGGAGGAGGCGCAGCAGCACATGATGGGCGCGAGGTGGGCGGCG
GCGGTGGCCAGGCCGCCGCCCTTCACGGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATA
TACAAGTACCTCGTCGCCGGCGTGCCCGTCCCGGCGGATCTCCTCCTCCCCATCCGCCGTGGCCTC

FIGURA 5 cont.

GACTCACTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCCTGTCCTTGGATACGGTTCCTACTTCGGCAAGAAG
CTGGACCCGGAGCCCGGACGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCC
GCGCCGGACTCCAAGTACTGTGAGCGACACATGCACCGCGGCCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTG
GAAGCGCAGCTCGTCGCCCCCCACTCGCAGCCCCCCGCCACGGCGCCGGCCGCCGCCGTCACCTCC
ACCGCCTTCCAGAACCACTCGCTGTACCCGGCGATTGCTAATGGCGGCGGCGCCAACGGAGGCGGT
GGTGGTGGTGGCGGTGGCGGCAGCGCGCCTGGCTCGTTCGCCTTGGGGTCTAATACTCAGCTGCAC
ATGGACAATGCTGCGTCTTACTCGACTGTTGCTGCTGGTGCCGGAAACAAAGATTTCAGGTATTCT
GCTTATGGAGTGAGACCATTGGCAGATGAGCACAGCCCACTCATCACTGGAGCTATGGATACCTCT
ATTGACAATTCGTGGTGCTTGCTGCCTTCTCAGACCTCCACATTTTCAGTTTCGAGCTACCCTATG
CTTGGAAATCTGAGTGAGCTGGACCAGAACACCATCTGCTCGCTGCCGAAGGTGGAGAGGGAGCCA
TTGTCATTCTTCGGGAGCGACTATGTGACCGTCGACTCCGGGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGC
CCCTTTTTCGACGAGTGGCCAAAGGCAAGGGACTCCTGGCCTGATCTAGCTGATGACAACAGCCTT
GCCACCTTCTCTGCCACTCAGCTCTCGATCTCCATTCCAATGGCAACCTCTGACTTCTCGACCACC
AGCTCACGATCACACAACGATGAGTGA

SEQ ID NO: 52, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115460325 ref_NM_001060298.1_ sequência de polipeptideo traduzida

MPFASLSPAADHRPSFIFPFCRSSPLSAVGEEAQQHMMGARWAAAVARPPPFTAAQYEELEQQALI
YKYLVAGVPVPADLLLPIRRGLDSLASRFYHHPVLGYGSYFGKKLDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEA
APDSKYCERHMHRGRNRSRKPVEAQLVAPHSQPPATAPAAAVTSTAFQNHSLYPAIANGGGANGGG
GGGGGGGSAPGSFALGSNTQLHMDNAASYSTVAAGAGNKDFRYSAYGVRPLADEHSPLITGAMDTS
IDNSWCLLPSQTSTFSVSSYPMLGNLSELDQNTICSLPKVEREPLSFFGSDYVTVDSGKQENQTLR
PFFDEWPKARDSWPDLADDNSLATFSATQLSISIPMATSDFSTTSSRSHNDE

SEQ ID NO: 53, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115471984 ref_NM_001066126.1 sequência de ácido nucléico

GAGAGCTCCGTATCACCGGCCTCTTTCCCTTCCCTTCCCCTCCGATCCAATCCCCCCTTCTCCTCC
TCGCGGCGCTCGCTGAGCATGGCGGCGGAGGGGGAGGCCAAGAAGGACAGCGCCAGCAACCCTCCC
GGGGGAGGAGGCGGCGGAGGTGGAGGGGAGGAGGAGGAGGATAGCAGCCTGGCTGTCGGGGAGGCG
GCGGTCGGGGTGGGCGAGGCTGGTGGAGGAGGAGGAGGAGGGGAGAAGGCGGATCGAGAGGAGGAG
GAGGGGAAGGAGGATGTGGAGGAGGGCGGCGTGTGTAAGGATCTGGTGCTCGTCGAGGACGCCGTC
CCCGTCGAGGATCCGGAGGAAGCCGCAGCAACTGCAGCACTTCAGGAAGAAATGAAAGCGCTCGTT
GAATCCGTCCCAGTTGGTGCTGGGGCGGCATTCACCGCGATGCAACTACAGGAGCTTGAGCAGCAA
TCTCGTGTCTACCAGTATATGGCTGCCCGTGTGCCTGTGCCTACTCATCTCGTCTTCCCAATATGG
AAGAGTGTTACTGGTGCATCTTCTGAAGGCGCCCAGAAGTACCCGACATTGATGGGGTTGGCAACA
CTCTGCTTGGACTTTGGAAAGAACCCAGAACCAGAACCTGGGAGGTGCCGGCGAACTGATGGAAAG
AAGTGGCGGTGCTGGAGAAATGCAATTGCAAATGAGAAATATTGCGAACGCCATATGCACCGTGGC
CGCAAGCGTCCTGTACAGCTTGTTGTCGAGGATGACGAGCCTGATTCTACCTCAGGGTCGAAACCA
GCATCTGGCAAGGCCACCGAAGGTGGCAAGAAGACTGATGACAAGAGCTCAAGTAGCAAGAAGCTT
GCAGTGGCAGCACCAGCTGCTGTGGAGTCTACATGATTGATGCAGCATTTAGGAGCTGCATAAAGA
GCATAACTGTGCTGGCAATTAGAGTTCGCTTCTTATTGTAATCCTGAAAAGACTGTAGTCTGGTCT
AGCTATAACCTCATCAAGCAAGAAAAGTGTCTGTGGAAAGAAGCCACAAAAACTTTCATTTAGCTG
TCACTGAAATTTTCAGTTTAGGTGTATAGTTTGATTTAGCTTTGCCGTGCCCTCTGCCTTCAGGCA
GATGAGCGGCATTATTGGATAAATCCTCTCTGACTGACAATATCGCATTGTGACTCAAGAAGCCGA
TGGAAGGATCTGCGAGACTAGATACGAAGCTATTTGTTGTGTATCATTTTATATGGCCTGCACAAT
TGTGTGATTTTGTCAGTTGCATAACATGTGGAAGATCCATAATTTTATGCACTATGGAGATTCAAT
TACCTTCCTGAATGTCTGAGCTTCGACATGTTATTGGTTATTGTAACTTAAAAGCAACCTGAGATT
CAATGTGAAAGGGTTTTAGATTCCAGCTTC

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 54, Oryza sativa Orysa_GRF gi_115471984 ref_NM_001066126.1_ sequência de polipeptídeo traduzida

MAAEGEAKKDSASNPPGGGGGGGGGEEEEDSSLAVGEAAVGVGEAGGGGGGGEKADREEEEGKEDV
EEGGVCKDLVLVEDAVPVEDPEEAAATAALQEEMKALVESVPVGAGAAFTAMQLQELEQQSRVYQY
MAARVPVPTHLVFPIWKSVTGASSEGAQKYPTLMGLATLCLDFGKNPEPEPGRCRRTDGKKWRCWR
NAIANEKYCERHMHRGRKRPVQLVVEDDEPDSTSGSKPASGKATEGGKKTDDKSSSSKKLAVAAPA
AVEST

SEQ ID NO: 55, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.39 sequência de ácido nucléico

TAGTGAAGCTCCTTCTCATGTCTCACCTCCTGAGACCAAACCAAAGATTCTTGGATCTGTGTTAAG
TAAGCGAGAAAGATCAGCTTCGTCTGCTCAAGATGATTACTGGAGGACTTCAAAGATGCCAAAAAA
TGATGATTTTTCTGTCACCAAAACAATGTCGTTGCACCAACCCACTTCTTTACTGAGATCTAATTA
CATGCTTTCTGATGATTCTCGCCAACAAGAGCACATGATGAGCTTCTCTTCTCCAAGACCAGAAAC
GACTCCATTTCTAAGCAAAGATGGTGAGTTAGTGGAGAGAAGCACACAAAACCACACTGCCTTAAG
CTTTCGTTACCATCAGAACACAGCTTCTTCTTATATTAGAAGTGCAGGTTATGACACCGGAGGCTT
GAATGCAGGCATGCACGGGCCTCTTACTGGGGTTAGAGGACCATTTACTCCATCTCAGTGGATGGA
GCTTGAACATCAGGCCTTGATCTACAAATACATCACTGCTCGTGTGCCTGTGCCTTCTAATTTGAT
CATTCCTCTCAAGAAGTCTGTCTACCCTTATAGCTTACCTGGCTCCTCTACTGGATCCTTCCCTCA
CAATTCATTGGGATGGAGCGCTTTCCATCTTGGTTACCCTGGCAACAACACTGATCCGGAGCCTGG
AAGGTGTCGTCGGACTGATGGGAAGAAATGGCGGTGCTCAAGGGATGCTGTAGCTGACCAAAAGTA
TTGTGAAAGGCACATAAACAGAGGCCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAGACTGGCCA
TGCTGCCACTGGGACTGCCAGTTCAAAGGTGGTGCCAATGTCGAACTCGATGTCAAAATTGGCAAT
AACCAGTGGTGGTGCCTCCAACAGCATTGCGATGACCACGCAACAACAGTTCAAAATTTTGCAGCC
GGCTGCTGCCAACACTTCTGCAGATGTTGATGTCAACAGAGCACAAGATGCACAGAGCATTTCTAT
GATGTCTTCCACCATCAACCGGAAATCTGATGAGTCCTCTTTCTTTGTTCCTAAACAAGATATCTT
AATGGAGCAGTGCTCTCAAACAGAGTTTGGATTTGTCTCCTCTGACTCTCTCCTCAACCCATCGCA
GAAGAGCTCTTACATTAACTCTAAGCCCTACGAGTCTTTTCTAAACTTTAATGACGAAGAAAGCCA
AGATCAGCATCCCCTTCGTCAATTCATTGATGAGTGGCCGAAGGATCAATCTAATTGTTCTGTCAT
TAGCTGGCCAGAAGAGTTGAAATCTGACTGGACCCAGCTCTCCATGTCAATCCCAATGGCCTCATC
AGACTTCTCATCATCATCATCCTCACCCACACAAGAGAAACTTGCCCTCTCACCAATGAGTTTATC
TTGCGAGTTTGACCCTGTACAAATGGGTTTAAGGGTGAGCGTTGACCATAATGAATCAAGCCAAAA
GCAAACCAACTGGATACCTATCTCCTGGGGGACTTCAATTGGTGGCCCTTTAGGAGAGGTCTTGAC
CACCAGCACTAGCCATGCGGATTCCTGCAAGAGCTCATCAGCCCTTAGCCTTTTGAGAGAAGGTTG
TGATGGCAGCCCACAGTTGGGATCTTCTCCGACGGGAGTCTTGCAGAAATCAACTTTCTGTTCCCT
TTCCAAATAGCAGTTCTGGGAGCAGCCCAAGAGCTGAGAGCAAGAAAAACAATGACACTGCTAGTCT
GTATGAGGATGTGGGTGGTTCGATAATTGCAAGTTCATCACCTATTCCACCCCTGTAATCAAGCGA
ACTGTAAGGATGAAACCTGTCAAGGAAATGTGAAGAAGCTTGGAGTTTCTATTTATCTGATAAATT
CCTGTA

SEQ ID NO: 56, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.39 sequência de polipeptídeo traduzida

MDFGVLGLEGLVGPETSSEAPSHVSPPETKPKILGSVLSKRERSASSAQDDYWRTSKMPKNDDFSV
TKTMSLHQPTSLLRSNYMLSDDSRQQEHMMSFSSFRPETTPFLSKDGELVERSTQNHTALSFRYHQ
NTASSYIRSAGYDTGGLNAGMHGPLTGVRGPFTPSQWMELEHQALIYKYITARVPVPSNLIIPLKK
SVYPYSLFGSSTGSFFPHNSLGWSAFHLGYPGNNTDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDAVADQKYCERHI
NRGRHRSRKPVEGQTGHAATGTASSKVVPMSNSNMSKLAITSGGASNSIAMTTQQQFKILQPAAANT
SADVDVNRAQDAQSISMMSSTINRKSDESSFFVPKQDIILMEQCSQTEFGFVSSDSLLNPSQKSSYI

FIGURA 5 cont.

NSKPYESFLNFNDEESQDQHPLRQFIDEWPKDQSNCSVISWPEELKSDWTQLSMSIPMASSDFSSS
SSSPTQEKLALSPMSLSCEFDPVQMGLRVSVDHNESSQKQTNWIPISWGTSIGGFLGEVLTTSTSH
ADSCKSSSALSLLREGCDGSPQLGSSPTGVLQKSTFCSLSNSSSGSSPRAESKKNNDTASLYEDVG
GSIIASSSPIPPL

SEQ ID NO: 57, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_II.1070 sequência de ácido nucléico

AAGTAATAGTGGTTTCGCTTCTCTTGCTAGTTCAGATCCTGAAGCAAAGCAGAAGTACGGATCTGG
GTTCCTGAAGCAAGAGAGATCTGCCGCAGCCGATGACGATTGGAGGAACTCTAAATTGGCCAAAAC
CGAGTCAATGCTGCTTGACCAGAGAAACACTTTTCTTCTGAAATCTAGCAACAACTCTCTCTTCAC
TGATGGACAGCAGCAGCAGCAGATGCTCAGCTTCTCCTGTCCCAAATCAGCTTCTTCAGGGGAGAG
AAGCTCCCCAAATGCCATGTTGCCATACTTTCACCTCACATCTTCTGCTTGTAATAGAAATACAGG
CTACAACTCTGGAATCTTCAATGCTGCCAGCATGCATGGGGTTTTGACTGAGACTAGATGGCCATT
CACTCAATTACAATGGATGGAGCTTGAACATCAGGCCTTGATCTACAAATACATGACTGCAAATGT
GCCTATACCATCTAATCTGCTCATCCCCATTAGGAAAGCTCTTGATTCTGCTGGGTTTTCTAGCTT
TTCTGGTGGACTTTTCAAACCCAGTGCATTGCAATGGGGTACTTTCCATATGGGTTTCTCCAGCAA
CACTGATCCGGAGCCAGGACGGTGTCGAAGAACAGATGGGAAGAAATGGCGGTGCTCAAGAGACGC
AGTTGCTGATCAGAAGTATTGTGAGCGGCACATGAACAGGGGTCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGT
GGAAGGACAATCAGGCCATTCCGCTGCGGCCACCACCACTTTAAAGCCAATGGCCAATGGCACTTC
CTCTTTTGCATCAGCATCAGTGGTGGGGCTTCGCAGCGCTGTGTCCGACAGCCACACTATTGTGCA
TAATCAGCAGCAACCTGCCAGTTCTTCTAATCTTTCTGCCACCAATACGCTCAGCAGGGTGTTCCT
CGCTACAGAGAATGTAGGTGAGAGAATGCAAGATGCATCGGGCTTATCCATGCTACCATCCAGCAT
TGACCTGAAATCCAAAGAAACTCCATTCTTCATATCAAAACAACAGAACTCTTACGGTGAATCCCT
GCAAAATGAGTTTGCACTTGTCACCTCCGACTCCCTCCTCAACCATTCACAGAAAAGCTCGTCCTT
GATGAGTTGCAGAAATTTTGGTTCGTCTCAGGACCTTACTGACCAGGAATCTGTTTCACAGCACTC
CCTCCGCCAATTTATGGATGATTGTCCTAAAAGTCATTCTGATCGCTCTGCTGTTGCTTGGCCTGG
ACTTGATCTGCAATCTGAGAGAACCCAGCTATCAATTTCAATCCCCATGGCTCCTGCAGACTTTGT
GTCATCCACTTCATCTTCAAACAATGAAAAGATCTCTCTCTCCCCGCTGAGATTATCGCGTGAATT
TGATCCAATAAAGATGGGGCTGGGAGTGGGAGCCGGTAGTGTCGCCAATGAACCAAACCAAAGGCA
AGCGAATTGGATTCCCATTTCTTGGGAAACTTCAATGGGTGGTCCACTTGGGGAGGTTTTGCACAA
CACCAATAATAATGCAACAGCAGAATGCAAGAATGAATCATCGCTCAACCTAATGACAGAGAGATG
GGACAACAGTCCTCGGGTAGGCTCATCTCCTACCGGGGTCTTACAAAAGTCTGCCTTTGCTTCTCT
TTCAAATAGCAGTGCTGGAAGCAGCCCAAGAGCAGAGAACAAGACCATTGAAGGTGGCAATCTCTG
CAATGACCTTGGATCTACTATCGTGCATTCTTCATCATTGCCTGCCTTGTAACTCTCTGACCTGCC
ATTTAAGAAGTCTTCAGCTGATGCCAGATTATGAATAATTTGTTTTTTAAAGTTCTCAATCAGTCT

SEQ ID NO: 58, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_II.1070 sequência de polipeptídeo traduzida

MDFGVQVGLDGLVGSDTSNSGFASLASSDPEAKQKYGSGFLKQERSAAADDDWRNSKLAKTESMLL
DQRNTFLLKSSNNSLFTDGQQQQQMLSFSCPKSASSGERSSPNAMLPYFHLTSSACNRNTGYNSGI
FNAASMHGVLTETRWPFTQLQWMELEHQALIYKYMTANVPIPSNLLIPIFKALDSAGFSSFSGGLF
KPSALQWGTFHMGFSSNTDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDAVADQKYCERHMNRGRHRSRKPVEGQSG
HSAAATTTLKPMANGTSSFASASVVGLRSAVSDSHTIVHNQQQPASSSNLSATNTLSRVFLATENV
GERMQDASGLSMLPSSIDLKSKETPFFISKQQNSYGESLQNEFALVTSDSLLNHSQKSSSLMSCRN
FGSSQDLTDQESVSQHSLRQFMDDCPKSHSDRSAVAWFGLDLQSERTQLSISIPMAPADFVSSTSS
SNNEKISLSPLRLSREFDPIKMGLGVGAGSVANEPNQRQANWIPISWETSMGGPLGEVLHNTNNNA
TAECKNESSLNLMTERWDNSPRVGSSPTGVLQKSAFASLSNSSAGSSPRAENKTIEGGNLCNDLGS
TIVHSSSLPAL

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 59, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.1018 sequência de ácido nucléico

ATGGCAAGAGCTTGAACACCAAGCTCTCATTTACAAATACATGGTCTCTGGTGTTCCTGTCCCGCC
AGAACTCCTCTATTCTGTCAAAAGAAGCTTGGGATCTTCTTTGGCATCAAGACTCTTCCCTCACCA
ACCTATTGGGTGGGGTTGTTTTCAGGCGGGTTTTGGCAGAAAAGCAGACCCAGAGCCAGGAAGGTG
CAGAAGAACGGATGGAAAAAAATGGAGGTGCTCAAAGGAAGCATACCCAGACTCAAAATATTGTGA
GAGGCACATGCACAGAGGCAGAAGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAACTTACTTCAAGTACTACTAC
AACAGCAACAACAATTCCTTTAACATCAATCAACAGAAACCTCTCTAACCCCACTATTTCACCCTC
CAGCTCCTCTTATTCTTTCTCTCACCCTTCATCTGCGGAATCTGAAGTTTATGCCCATCAAAACCC
TTCGCATGGAACCTTCCTTAACCCCTTCCTTTATCCTCATTCTTCATCTTCTGGACCTCCTGATTC
TGGTTTTTCACCTCTAAATAGCACCCCTCACAACCTGTTTTTGGAGTCTGGATCTTCTCCTCAAGT
TGACAAAGAGCACAGGTATTATCATGGAATGAGGGAGGATGTGGATGAGAGAGCTTTCTTTCCAGA
TGGTTTAGGGAGTGCAAGAGGTGTTCAAGATTCATATAACCAATTGACAATGAGTTCCTACAAAGG
TTACTCACTGTCACAGTTTCAAACCTTTGCTGATACTTCTAAAGAAGAGCAGCAACAACCAGGGCA
GCACTGCTTTGTTTTGGGCACTGATATTATCAAGTCATCAGCAACAAGGTCAATCAAGTTGGAGAA
AGAAACTGAAACCCTGAAGCCATTGCACCATTTCTTTGATGAATGGGAACCAAAGGACGCAGACTC
TTGGCTTGATCTTGCATCCAGTTCAAGACCTCACACTTCTGATGATTGAAGTCTCAATAATGGATC
TTTGTAATATGACGAAAACAGTACTTGTTCGTGGGTCATCAATGCCTTTCTTGCCTCAAATGA

SEQ ID NO: 60, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.1018 sequência de polipeptídeo traduzida

MLNTTISRNRFPFTATQWQELEHQALIYKYMVSGVPVPPELLYSVKRSLGSSLASRLFPHQPIGWG
CFQAGFGRKADPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYFDSKYCERHMHRGRSRSRKPVELTSSTTTTATTI
PLTSINRNLSNPTISPSSSSYSFSHPSSAESEVYAHQNPSHGTFLNPFLYPHSSSSGPPDSGFSPL
NSTPHNLFLESGSSPQVDKEHRYYHGMREDVDERAFFPDGLGSARGVQDSYNQLTMSSYKGYSLSQ
FQTFADTSKEEQQQPGQHCFVLGTDIIKSSATRSIKLEKETETLKPLHHFFDEWEPKDADSWLDLA
SSSRPHTSDD

SEQ ID NO: 61, Populus tremuloides Poptr_GRF_lcl_scaff_28.10 sequência de ácido nucléico

TCTTCTTTTCTCTTCCAGGGTAATATGATAATGAGTGGAGGAAACAGGTTTCCCTTCACTGCATCC
CAGTGGCAAGAGCTTGAGCATCAAGCCCTAATCTACAAGTACATGGTTTCAGGCATCCCCATCCCT
CCCGATCTTCTTTTCACCATCAAAAGAAGTGGCTGCTTGGACTCTTCACTCTCTTCAAAGCTCTTT
CCTTGCCAACCTCCACATTTTTCCTGGGGCTGTTTTCAGATGGGTTTGGGAAGGAAAATAGATCCA
GAACCGGGGAGGTGCAGGAGAACTGATGGAAAGAAATGGAGATGCTCAAAAGAAGCATACCCAGAT
TCTAAGTACTGTGAGAAACATATGCATAGAGGGAAGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTTGCA
ACACAATCAATAACAGCACCAACTGTCTCATCAATGACCAGAAACCACTCTAATAATTCACTACTA
ACAACATCCCCCACCTCTCTTTCGTTATTGTCACCTAAGACCCACCACCAGAATCACCTTCACTAT
CCTGCTCCTGCAGGTTATCATGCCCATCCAAATCATCAATTCTTGTCTTCTTCCAGACCCCTTGGG
ATTGGTCTGTCCCCTCATGAAAATCCTACTCACTTGCTTTTGGACTCTGGTGGTTCTTCTCTGGCC
AATACAGATTACAGAAGAAACAGGAATGTTTATGGGCTGAAAGAGGAGGTTGATGAGCATGCTTTC
TTCTCAGAACCTTCAGGTTCTATGAGAAGCTTGTCCGGTTCATCTTTGGATGATGCTTGGCAACTC
ACCCCACTCACAATGAACTCTTCTCCTTCTACCACCAACTCTTCAAAGCAAAGGAGCTTGTCTAGT
TTACACAACGAATATTCTTACTTGCAGCTTCAAAGCCTGAGTGATCCCGATACCCCAAAACAACAA
AAGCAGTGTCAACATAACTATCTTCTGGGAAGTAGTGATGTAGACAGTCTAGGGCCCATAAAAATG
GAGAAGGAAAAATCCCAAAAGACTGTTCACCGTTTCTTTGATGAATGGCCACCAAAGGATAAAGAT
TCATGGCTTGATTTGGATGACAAATCATCAAAAAGTGCATCAGTTTCAGCAACCGGACTCTCAATA
TCCATTCCCTCCTCTCATGACTTTCTTCCAATCTTCAGTTCAAGAACTAATAATGGTGGTTGATTT
TACTCTGGTGGGTTTCTGGCCCAAGATGTACTTGGTGGGAAGGGGGGGGTCACCGCCTTCTGTCAA
GAGGCCTCAGA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 62, Populus tremuloides Poptr_GRF_lcl_scaff_28.10 sequência de polipeptídeo traduzida

MIMSGGNRFPFTASQWQELEHQALIYKYMVSGIPIPPDLLFTIKRSGCLDSSLSSKLFPCQPPHFS
WGCFQMGLGRKIDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSRKPVEVATQSITAPT
VSSMTRNHSNNSLLTTSPTSLSLLSPKTHHQNHLHYPAPAGYHAHPNHQFLSSSRPLGIGLSPHEN
PTHLLLDSGGSSLANTDYRRNRNVYGLKEEVDEHAFFSEPSGSMRSLSGSSLDDAWQLTPLTMNSS
PSTTNSSKQRSLSSLHNEYSYLQLQSLSDPDTPKQQKQCQHNYLLGSSDVDSLGPIKMEKEKSQKT
VHRFFDEWPPKDKDSWLDLDDKSSKSASVSATGLSISIPSSHDFLPIFSSRINNGG

SEQ ID NO: 63, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.995 sequência de ácido nucléico

CTAGGGACTGGACTGCTAAACGGTTGGAACATGGAGGGAAATAGGCGCAATGGTCGGTCTCGGTCA
CCTTCAATTGGGCTAGGAGTTGAGCTTGGACGTGGTGGTTCTAGTCAAAGACCAATAACTGGCTGC
AAAAAACCTTATGGGTTCACTATTCTTCAACTGCATGAGCTAGAACTTCAGTCTCTTATCTACAAG
TATATCCAAGCTGGATTTCCTGTACCTTACCATCTTGTTTTACCTATATGGAAAAGTGTTACTGCT
TCCCTTGGTGGTCTCAGTTCAAGCTTGTACCAGCTCTACCCTAGCTTTATGGGGTGTAAGTGTAAC
CCATTATATTTGGAATATAAGAAAGGAATGGAACATGAGCCAGGGAGATGTAGGAGAACGGATGGA
AAGAAGTGGAGGTGTAGCAAAGAGGTTCTTCCAGATCAAAAGTACTGTGACAGGCACATACACAGA
GGACGCCAGCGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAGCTGCTTCTCATAGTAATGCCAGCACCAACCTCTCC
ATTTCTCTCCCTGGAATCGGTAGTGCTAGCGCCTAGCAGTACTAATCTCTCTCCAATATGTTGTCT
CTCTCCAAAGAGTGTTCTCCACAAGAAATATGTAATAGGAGCAGCTGCTA

SEQ ID NO: 64, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.995 sequência de polipeptídeo traduzida

MEGNRRNGRSRSPSIGLGVELGRGGSSQRPITGCKKPYGFTILQLHELELQSLIYKYIQAGFPVPY
HLVLPIWKSVTASLGGLSSSLYQLYPSFMGCKCNPLYLEYKKGMEHEPGRCRRTDGKEWRCSKEVL
PDQKYCDRHIHRGRQRSRKLVEAASHSNASTNLSISLPGIGSASA

SEQ ID NO: 65, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_III.741 sequência de ácido nucléico

CAAGTGAAGTTGAAGAGAGAAGTGAAAGAAATGAGCAACTCATCAGTCACAGTGGCGGGGGTGGGA
TCAAGATCACCACCAGGTTTCACGATGTCTCAGTGGCATGAGCTGGAGCATCAAGTTCTTATCTTT
AAGTGTTTAAATGCAGGGTTACCTGTCCCTCCTTCCCTTCTCCTTCCTATTCGTAAGAGTTTTCAG
CTTCTTTCCCCCTGGTTTCTTGCACCCATCAAATTTGAGCTACTGTTCCTATTTTGGGAAGAAGATT
GACTCAGAGCCAGGGAGGTGTCGGAGGACAGATGGCAAGAAATGGAGGTGCTCCAAAGATGCTCAC
CCAGACTCCAAGTACTGTGAGCGGCATATGAATAGAAGCCGTAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAA
TCACAAACTACCTCTCAGTCCTTGTCAACTGTGGCATCAGAAATTGCAACTGGGAGCAGCAGCATT
GGGAGCAGAGGGTATCCAACTAATCCTGGGACCTTAGGTTTGGGAAGTAATATGTCACGTTGGCAG
ATGGAGTCTATGCCTTATGGTGTTAATAGTAAAGACTACAGGTCTCTCCATGGACCGAAGCCTGAA
GCAGATGAGAAAACTTTCCTACCAGAAGCTTTGGGAAATACAAGAAGCTTTGGAATGAACTCTACT
GTGGACAGCACTTGGCATCTCACATCCCAAGTCCCTGCAAACCCTGTGCCAGAATCAAGAAATGGT
TCTCTTTTGCAAAACTACCCACAAGTACAGACACTGCAGGATTTTGAGCCCCTAACTGTTGATGCT
GCATCGCCAAAACAACAGCAGCAGCAGCATTATTATTGGAAGGGAGTTCAGTTCATCAGGATCT
ATGAGGCGGGAAAATCAGTCTCTTCAGCCTCTCTTTGACGAGTGGCCAAAATGCAGGGATATGGAT
TCCCATCTCACTGATCAAAGATCTAACAATAACTCGTCTGCTGTTCAGCTATCAATGGCCATTCCA
ATGGCTCCTAACCCTGCTGCGAGGAGTTATCATTCCCCAAATGGTGAGACAGGTTTATCTGGAACA
TACTTTTCCGCAACCTAGACGCCCCCAAGACTTGGTGGAAAACAAATAGATGAGTTCTAATCCTCT
CATGTTATAATGCAGATGCTTGAAAGGAGCAT

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 66, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_III.741 sequência de polipeptídeo traduzida

MSNSSVTVAGVGSRSPPGFTMSQWHELEHQVLIFKCLNAGLPVPPSLLLPIRKSFQLLSPGFLHPS
NLSYCSYPGKKIDSEPGRCRRTDGKKWRCSKDAHPDSKYCERHMNRSRNRSRKPVESQTTSQSLST
VASEIATGSSSIGSRGYPTNPGTLGLGSNMSRWQMESMPYGVNSKDYRSLHGPKPEADEKTFLPEA
LGNTRSFGMNSTVDSTWHLTSQVPANPVPESRNGSLLQNYPQVQTLQDFEPLTVDAASPKQQQQQH
YLFGREFSSSGSMRRENQSLQPLFDEWPKCRDMDSHLTDQRSNNNSSAVQLSMAIPMAPNPAARSY
HSPNGETGLSGTYFSAT

SEQ ID NO: 67, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_VII.1274 sequência de ácido nucléico

TAGTCATGCTCCTTCTCATGTCTCACTTCCTGAGACCAAACCAAAGATTCTTGGATCTGTGTTAAC
TAAGCAAGAAAGATCATCTTCATCTGCATCAGCTCAGGATGATTACTGGAGGGCTTCAAAGATGCC
AAAACTTGATGATTTCTCTTCCACCAAAACAATGCCACTGCACCAACCCGCTCCTTTGCTGAGACC
TAATTCTATGTTTTCTAATGATTCTCGCCAACAAGAGCACATGCTAAGCTTCTCTTCTCCAAAACC
AGAAGCTACTCCATTTCTCGTTAAAGATGCTGGCTTGGTTGAGAGAAACACACAAAACCACACTGC
CTTGAGTTTTCCTTACTACCAGCACGCACCTCTTTCCGCTAGCAGAAGTGCAGGTTATGGCACTGG
AAACTTGAATGCAAGCATGCAGGGGCCTTTTACTGGGGTTAGAGGACCATTTACTCCATCTCAGTG
GATGGAGCTTGAACACCAGGCCTTGATCTACAAATACATCACTGCACGTGTGCCTGTGCCTTCCAA
TTTAATCATTCCTCTCAAGAAATCTCTCAACCCTTATGGCTTACCTTTTTCCTCTGCTGGATCATT
CCCTCCCAGTTCATTGGGATGGGGCACTTTCCACCTTGGTTACCCTGGCAACAACACTGATCAGGA
GCCTGGAAGGTGTCGTCGGACTGATGGCAAGAAATGGCGGTGCTCAAGGGATGCTGTAGCTGACCA
AAAATATTGTGAAAGGCACATAAACAGAGGCCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAGAC
TGGCCATGCTGCTACTGGGACTGCCAGTTCAAAGGTGGTGCCAATGTCTAACTCCATGCCAACCTC
GATTACAACCAGTGGCGCTACCTCGAACAGCATTGTGATCACACAGCAACAGTTAAAAAATTTTCA
GCCGGCTGCTGCTTCCATCTCTTCTGCAGATGCTCGTGTCAACGGAGCACAAGATGCACGGAGGGT
TTCTATGATGTCTTCCACTATCAACCGGAAATCTGACGAGTCTACTTTCTGTATTCCTAGACAAGA
TATCCTATTTGAACAGTGCTCTCAAACAGAGTTTGGACTTGTCTCCTATGATTCTCTCCTCAACCC
ATCGCAGAAGAGCTCTTACTTTAACGCTAAACCCTACGAGTCTTTTCTAAACTTTAGTGATGAAGA
AAGCCATGATCAGCATCCCCTTCGTCAATTCATTGATGACTGGCCGAAGGACCAATCAAATCGTTC
TGTCATTAGCTGGCCAGAAGAGTTGAAATCTGACTGTACCCAGCTCTCAATGTCAATCTCAATGGT
CTCGTCAGACTTCTCGTCGTCATCATCCTCACTTCTGCGAGAGAAACTTGCCTTCTCACCATTGAG
GTTATCTCGCGAGTTTGACCCTATACAAATGGGTTTAAGGGTGAGCGGTGACCATAATGAATCAAG
CCAGAAGCAAGCCAACTGGATACCTATCTCTTGGGGAACTTCAATTGGCGGCCCTTTAGGAGAGGT
CTTGACCACCAGCGCCAGCCATGCGGATTCCTGCAAAAGCTCATCAGCTCTTAACCTTTTAAGAGA
GGGTTGGGATGGCAGCCCGCAGCTGGGATCTTCTCCAACAGGAGTCTTGCAGAAATCGACTTTTGG
TTCACTTTCAAATAGCAGTTCAGGTAGCAGCCCAAGAGCAGAGAGCAAGAAAAACAATGAAAGTGC
TAGTCTGTATGAGGATGTTGTTGGTTCGATAATTGCAAGTGATCCCCTATTCCATCCCTGTAATCA
AGAAAATGGTTAGGATGAAACTTGTGAAGAAGAAGCTTGGAGTTATTTATCTTATTAATTTCTGCA
GACTGTTTCTCCTTGTTGCTTGTTCCC

SEQ ID NO: 68, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_VII.1274 sequência de polipeptídeo traduzida

MPKLDDFSSTKTMPLHQPAPLLRPNSMFSNDSRQQEHMLSFSSPKPEATPFLVKDAGLVERNTQNH
TALSFPYYQHAPLSASRSAGYGTGNLNASMQGPFTGVRGPFTFSQWMELEHQALIYKYITARVPVP
SNLIIPLKKSLNPYGLPFSSAGSFPPSSLGWGTFHLGYPGNNTDQEPGRCRRTDGKKWRCSRDAVA
DQKYCERHINRGRHRSRKPVEGQTGHAATGTASSKVVPMSNSMPTSITTSGATSNSIVITQQQLKN
FQPAAASISSADARVNGAQDARRVSMMSSTINRKSDESTFCIPRQDILFEQCSQTEFGLVSYDSLL

FIGURA 5 cont.

NPSQKSSYFNAKPYESFLNFSDEESHDQHPLRQFIDDWPKDQSNRSVISWFEELKSDCTQLSMSIS
MVSSDFSSSSSSLLREKLAFSPLRLSREFDPIQMGLRVSGDHNESSQKQANWIPISWGTSIGGPLG
EVLTTSASHADSCKSSSALNLLREGWDGSFQLGSSPTGVLQKSTFGSLSNSSSGSSPRAESKKNNE
SASLYEDVVGSIIASDPLFHPCNQENG

SEQ ID NO: 69, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XII.277 sequência de ácido nucléico

AAAAATTATTCTTCTTTATTTTTCATCATGATGACAACAGATGATGGCTTAAACGTTTCAAACAAG
GTAGCTAAGGAAATAAACACTACTAGTAGTATTAGTAATGTTGATTTTGGTGTGAAGCTACATCAA
CCTATTGATCATCATCAATCATTTCCTTCTAGTACTCCTATGATGGTTCCTCATGTTAATCACCAC
CGTCCAATGTTTGACAATGGTCCCACATCATCATGTGATAGAAACAAGTCTTTGATGAACTATATA
AGTGATCGTATATACCGTGTTGCTGCTGGTGGTGCTACCAGTGGCGGTGCAGTTGGGGTTAGGAAT
TTGCAGCCTTTTGACATTTCTGAAACAAGTATCTCTACAGCAGCTTCTGCCTTCAGATCCCCAGGA
GGCAACATGGCAGCGTCTTTGGGGTTTCCTTTACAAATACACAGTGGAAAGAGCTTGAAAGACAA
GCCATGATATACAACTATATAACGGCCTCAGTCCCTGTGCCTCCTCAATTTCTAATTCCAACCCCA
ATGGGGAATGGATTGAATGTAAGGTTCTCAAATGGGGCAGATCTAGAACCAGGGAGGTGTAGGAGA
ACAGATGGGAAGAAATGGAGGTGCTCAAGAGATGTGGCACCTGATCAGAAATACTGTGAGCGTCAT
ATGCATAGAGGCAGACCCCGTTCAAGAAAGCATGTGGAACTCAATGCTAGCAACAATAACAACAAG
AAGAACCGCCATAATCCTGCTATTTGTCCAGAAGCTCCTGTTACCGTGGCCATTTCTAAACCCACA
ATCAACAACAGCAACAGTGGCTCTGCCTCTCACGATCAGTTTTTTGGGCCTATGCCTCAGCCATAT
ATCCAGACCCCAGTTTTTGTAAACAAAACCAGCGAGAAGACTTCAACTTATGATGTTAATGGAGCC
TATGGTTCCACATTCAAAGAACCCAGGAGCTTGGACTGGATGTTGAAAGGGGAAGCTGGTCCTATA
GCCAAAAATGATCAACAATGGCCACATCTAGTGCACAAAGAAATTGAACTAGCTACTGAAGGTTCC
TTTAACAGTGCTTCTGTTCTCAAACAGCATTACCAAGGAGAGTCTTTGAATTTGAACTCATTTGGA
AATTTTAATGCTAGAGAAGACCAACAAAGCAATCAATATAGTCTGTTTCTTGATGAGGCTCCAAGG
AGTTTTATTGATGCATGGTCTAATGATGCAATTTCTAGAAACACAAGTTCTGTTTCCTCAGATGGG
AAGCTCCATCTTTCCCCTCTCAGTCTATCAATGGGAAGCAATAGGTCTACTGATGATGAAATGGGT
CAGATCCAAATGGGTTTAGGCCTAATCAAATCAGATCGAAATGAAGAATGTGGTAACACTAGCAGC
GCCCCAGGTGGCCCCTTGGCAGAGGTGTTACAACTGAGGACAAGCAACACCACAGGAACCAATCAA
TCTTCTTCTATGATGGAAAATGGTGATTCTATTAGTCCTCCAGCTACTACAGTCTCTTCTCCATCT
GGGGTTTTGCAGAAAACACTTGCCTCATTTTCTGATAGCAGTGGTAATAGCAGTCCAACTCTTGCC
AGTTCAAGGACCAAACCTGAAATTGCCATGCTTTGGTTAAATCAAGGCTAAATGTGCCACTCTCTA
GTTAGTTAAGGGCACACAAGGCCATAAGGGCAATATAAATTTTTATAAGCTTGATATATTTTTAT

SEQ ID NO: 70, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XII.277 sequência de polipeptídeo traduzida

MMTTDDGLNVSNKVAKEINTTSSISNVDFGVKLHQPIDHHQSFPSSTPMMVPHVNHHRPMFDNGPT
SSCDRNKSLMNYISDRIYRVAAGGATSGGAVGVRNLQPFDISETSISTAASAFRSPGGNMAASLGF
PFTNTQWKELERQAMIYNYITASVPVPPQFLIPTPMGNGLNVRFSNGADLEPGRCRRTDGKKWRCS
RDVAPDQKYCERHMHRGRPRSRKHVELNASNNNNKKNRHNPAICPEAPVTVAISKPTINNSNSGSA
SHDQFFGPMPQPYIQTPVFVNKTSEKTSTYDVNGAYGSTFKEPRSLDWMLKGEAGPIAKNDQQWPH
LVHKEIELATEGSFNSASVLKQHYQGESLNLNSFGNFNAREDQQSNQYSLFLDEAPRSFIDAWSND
AISRNTSSVSSDGKLHLSPLSLSMGSNRSTDDEMGQIQMGLGLIKSDRNEECGNTSSAPGGPLAEV
LQLRTSNTTGTNQSSSMMENGDSISPPATTVSSPSGVLQKTLASFSDSSGNSSPTLASSRTKPEIA
MLWLNQG

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 71, Populus tremuloides Poptr_GRF_ scaff_XIII.769 sequência de ácido nucléico

AGCAGCGGGGATGGCAGCTGGGGGAATGGGGACAGCAGCGATGACAATGAGGTCACCATTTACAGT
GTCACAGTGGCAAGAACTGGAACATCAAGCTTTGATCTATAAGTACATGGTGGCAGGTCTGCCTGT
TCCACCTGATCTTGTGCTCCCTATTCAGAGGAGCTTTGAATCCATTTCTCATAGATTCTTCCACCA
TCCCACCATGAGCTATTGCACTTTCTATGGCAAGAAGGTGGATCCGGAACCAGGTCGATGCAGGAG
GACCGACGGCAAGAAGTGGAGGTGCTCCAAAGATGCCTACCCAGACTCCAAGTACTGTGAGCGCCA
CATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCACAAACCATGACACAGTCATCGTC
CACCGTGACATCACTGACTGTTACAGGAAGCAGCAGTGGAACTGGAAGCTTCCAGAACCTTCCATT
GCACACATATAGCAATCCCCAGGGCACTGCTTCTGGAACTAACCAATCATATTATCATATGAACTC
CATTCCCTACGGAATCCCAACCAAAGATTACAGGTATCTTCAAGAACTTACGCCTGAAGGTGGGGA
GCATAGCTTCTTGTCTGAAGCCTCAGGAAGCAACAAGGGGCTTCAGATAGACTCACAGCTGGACAA
TGCATGGTCTTTGATGCAATCCAGAGTCTCATCATTCCCCACAGAGAAATCAACTGAAAACTCGAT
GTTGCAAAGTAATCATCCCCAGCATTCATTTTCAGTAGTGATTTCACCACCAGGGAATCTGTGAA
ACAGGACGGGCAGTCTCTTCGACCCTTCTTTGATGAGTGGCCTAAAAACCGAGATGCCTGGTCTGG
CCTCGAGAATGATAGTTCCAACCAGACCTCATTCTCTACAACGCAGCTGTCGATATCCATTCCAAT
GGCCTCATCTGACTTCTCCACAAGTTGTCGTTCTCCACGAGATAACTAAGAGGACACTAAGAATTC
ACAAAACAAAGCCAAAGGTGGTCCTGGCCAAAGATTAACACATACTTGTGTTAAATTTTTGTG

SEQ ID NO: 72, Populus tremuloides Poptr_GRF_ scaff_XIII.769 sequência de polipeptídeo traduzida

MAAGGMGTAAMTMRSPFTVSQWQELEHQALIYKYMVAGLPVPPDLVLPIQRSFESISHRFFHHPTM
SYCTFYGKKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKDAYPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVESQTMTQSSSTVT
SLTVTGSSSGTGSFQNLPLHTYSNPQGTASGTNQSYYHMNSIPYGIPTKDYRYLQELTFEGGEHSF
LSEASGSNKGLQIDSQLDNAWSLMQSRVSSFPTEKSTENSMLQSNHPQHSFFSSDFTTRESVKQDG
QSLRPFFDEWPKNRDAWSGLENDSSNQTSFSTTQLSISIPMASSDFSTSCRSPRDN

SEQ ID NO: 73, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.174 sequência de ácido nucléico

GTCTGTTCTTGTTTTTGTAGATACACGACAATGGAGAAAAGAGTATCTGAAGAATCAGCGCCGTCG
ATGAAACTGTCTCTTGGGATTGGTGCTGGTGATCATGGTGATGATGATCAAGATGATAGACACGTG
TTCCCACAGTTAACAGAGACTCAGTTGCATGAGCTTAAACAGCAAGCTTTGATATTCAAGTACATA
GTAGCTGGTCTTCGCGTGCCTCCTGATCTTGTAGTTCCCATTGGCATAGTGTTGCTAGCAGCTCT
CTTGGTTCATTTAGTGGTGCTGATATTTATAGGCAATTCCCAAGCTTTGTGGGATTAAGTCCTCAG
GGATTTGATTATAGACAAATGATGGATCCAGAACCTGGGAGATGTAGAAGAACTGATGGGAAGAAA
TGGAGGTGTAGCAAGGATGTAGTTGCTGGTCAGAAGTATTGTGAACGCCATATGCATAGAGGCCGT
CAACGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAGCTTCTCAAACTGCTGCTGCTTCTGAAAAACCATCACCTCAC
AATTCAAGCAAGAATTCAGACAATCCAACCACTCATTCTTCTAATTTAGCCAAAGTAAGTTCACAG
ATAAAAGCCCCACCTCTTAATAATACCCCCACCATTTTAACCACTTGCACCACAAGTTGCAATTCT
GACATTGAAATCACTGGCATGAGCTTGGCCACTACTGCTAATTCTGACTGCAAAAACCCCTTTACA
ACCATGACTACTAGCATTGTTACCGGCTACAAGAACACTGCAACAATGATCGCTAGTGCTGTTCAT
GCTGACATTACAGCCACTGGTAACGACTACAAGAGTAGCATCAACTTAAAGAGACACTACATTGAT
GACAGAAACAGTAATTGCAGCAACTCTGTTACTTACAAGGGTATAATCGACAGAAACTGCAGCAAC
AAAAAAATAAAAAATGCTGGTAGCAATGTATCTCAAGGATTGAACTTCTCCCCGAAGAGTGTTCTT
CAAGTTCAAGGTTGCGGCGCCTCACACATTTACATGAATGATGTGGAACTTGAACTGGGAAGGTGT
AGAAGAACAGATGGAAAGAAGTGGCGATGCCGCAGGGATGTTGTAGCTAATCAGAAGTATTGCGAG
ATGCACATGCACCGAGGTTCTAAGCAGCACTTGGAAGCGTCCAAACCTGCTGCAATTCCCGCTACA
ATCCCATTTGTCCCTGGGAATGTTCATTCATATCCTGCAACGAACTTGCCAAGTAAAGCAGATCGC

FIGURA 5 cont.

AGAAGCTTAAACACCGATCTCTGTATTTCGATCCCAACAAGTCCTCAACTGATCATGACCAATGAT
GATACAAGAACTATCAGCAATAGCAGTGACACTACCATAAGCGACACCATGAGGGGCACCACACCA
GGACTGGTATCAACACATGCAGGTAGTGGGGATCCCAAAAGTCCTCCTGGTGGTGACAGAGCCAGG
TTATTAAAGAAAGCTGAAGTTATGGAGGCGGCGGTAGAGATTTACGAGGAAGTACAATCCGGCCGT
GGGGTCAGAAGTTTTATCCAAGGCAGAAGACTTCCAACTTTTCCCTATGTTTATATCACACCTCTG
CTGTTAATCTGCAATTAATTCTAGTCAAACCATGTGATTAAAGTTACAAGAGGTGTAAGAGAAGAA
TAACGTTTAATTCCATCCTATGCAGACAACTG

SEQ ID NO: 74, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.174 sequência de polipeptídeo traduzida

MEKRVSEESAPSMKLSLGIGAGDHGDDDQDDRHVFFQLTETQLHELKQQALIFKYIVAGLRVPPDL
VVPIWHSVASSSLGSFSGADIYRQFFSFVGLSPQGFDYRQMMDFEPGRCRRTDGKKWRCSKDVVAG
QKYCERHMHRGRQRSRKLVEASQTAAASEKPSPHNSSKNSDNPTTHSSNLAKVSSQIKAPFLNNTP
TILTTCTTSCNSDIEITGMSLATTANSDCKNPFTTMTTSIVTGYKNTATMIASAVHADITATGNDY
KSSINLKRHYIDDRNSNCSNSVTYKGIIDRNCSNKKIKNAGSNVSQGLNFSPKSVLQVQGCGASHI
YMNDVELELGRCRRTDGKKWRCRRDVVANQKYCEMHMHRGSKQHLEASKPAAIPATIPFVPGNVHS
YPATNLPSKADRRSLNTDLCISIPTSPQLIMTNDDTRTISNSSDTTISDTMRGTTPGLVSTHAGSG
DPKSPPGGDRARLLKKAEVMEAAVEIYEEVQSGRGVRSFIQGRRLPTFPYVYITPLLLICN

SEQ ID NO: 75, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.51 sequência de ácido nucléico

AAGTAATAGTGGTTTTGCTTCTCTTGCTGGCTCAGATCCTGAAGCAAAGCAGAAGTTGTACGGATC
TGGGTTCTTGAAGCAAGAGAGACCTGGCAACATCGATGGTGATTGGAGGAGCTCTAAATTGTCGAA
AACTGAGTCAATGCTGCTTGAGCAGAGTAACACTTCACTTCTGAAATCTAGCTCCAACTTTCTCTT
CGCTGATGGACAGCAGCAGCAGCAGCAGATGCTCAGCTTCTCCTATCCCAGATCAGCTCCTTCAGC
GGAGAGAAGCTCCCAAAATGGCACATTGCCCTCTGGTATCTACAATGCTGCCAGCATGCATGGGGT
TTTGACCGAGACCAGATGGCCATTCACTCAATCACAATGGATGGAGCTTGAACATCAGGCCTTGAT
CTACAAGTATATAGCAGCAAATGTGCCTATACCATCTAATCTGCTCCTTCCCATTAGAAAAGCTCT
TGATTCTGCTGGGTTTCCTAGCTTTTCTGCTGGATTTTTCAGGCCCAATACATTGCCATGGGGTGC
TTTCCATATGGGTTTCTCCAGCAACACTGATCCGGAGCCAGGACGGTGTCGAAGGACAGATGGAAA
GAAATGGCGGTGCTCAAGAGATGCAGTTGCCGATCAGAAGTATTGTGAGCGGCATATGAACAGGGG
CCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAATCAGGCCATTCCGCTGCAGCCGCCACCACTGT
AAAGCCAGCCAATGGCACTTCGTCTTCTACATCATCATCAGTGGTGGGGCTTCGCAGCACTGTGTC
CGACAGCCTCACTATTGCTCATAATCAGCAGCAAGCAGCTAGTCCATCTAATCTTTCTGCCTCTAA
TACGCTCAGCAGGATGTTCCTTACTAAAGAGAATGTAGGTGAGAGAACGCAGGATGCGACAGCCTT
GTCCATGCTTCGATCCAACATGGATCTTAAATCTAAAGAAACTCCATTCTTCATATCAAAACAACA
AAACTCATATGGGGAATCCTTACGAAATGAGTTTGGACTTGTCACCTCCGACTCCCTCCTCAATCA
CTCACAGAAAAGCTCATCTTTAATGAGTTGCAGAAATTTTGGTTCGTCTCAGGACCTCACTGACCA
GGAATCTGTTTCACAGCACTCCCTCCGCCAATTCATGGATGATTGGCCTAAAAGTCAGTCTGATCG
TTCTGCTGTTTCTTGGCCTGAACTTGATCAGCAATCTGAGAGAACCCAGCTATCGATTTCAATCCC
CATGGCTCCTGCAGACTTCATGTCATCTACTTCCTCCCCAAACAATGAAAAAGTCACTCTCTCCCC
ATTGAGATTATCACGAGAATTTGATCCAATACAGATGGGACTGGGAGTGGGAGGTGGAGGTGGTGG
TATTGCCAACGAACCAAACCAAAGGCAAGCCAACTGGATTCCCATTTCTTGGGGAACTTCAATGGG
TGGTCCGCTCGGGGAGGTCTTGCACAACACCAATAACAATGCAGCAGCAGAGTGCAAGACCACGTC
ATCGCTGAACCTGATGACCTATAGATGGGACAACAGTCCTCGTATAGGTTCATCTCCAACTGGGGT
CTTACAAAAGTCAGCGTTTGCTTCCCTTTCAAATAGCAGTGCGGGAAGCAGCCCAAGAGCAGAGAA
CAAGACCAATGAAGGTGGCAGTCTCTGCAATGACCTCCTTGGATCCACTATTGTGCATTCTTCTTC
ATTGCCTGCCATGTAACTCTGTTGATCTGCTGCCATCCAAGAAGTCTCCTGTCATCGTAGCTGACA
AAACATGGAGCACTTTGTTTTTGAAGTTGT

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 76, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.51 sequência de polipeptídeo traduzida

MLLEQSNTSLLKSSSNFLFADGQQQCQQMLSFSYPRSAFSAERSSQNGTLFSGIYNAASMHGVLTE
TRWFFTQSQWMELEHQALIYKYIAANVPIPSNLLLPIRKALDSAGFPSFSAGFFRPNTLFWGAFHM
GFSSNTDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDAVADQKYCERHMNRGRHRSRKPVEGQSGHSAAAATTVKPA
NGTSSSTSSSVVGLRSTVSDSLTIAHNQQQAASPSNLSASNTLSRMFLTKENVGERTQDATALSML
RSNMDLKSKETPFFISKQQNSYGESLRNEFGLVTSDSLLNHSQKSSSLMSCRNFGSSQDLTDQESV
SQHSLRQFMDDWPKSQSDRSAVSWPELDQQSERTQLSISIPMAPADFMSSTSSFNNEKVTLSPLRL
SREFDPIQMGLGVGGGGGGIANEPNQRQANWIPISWGTSMGGPLGEVLHNTNNNAAAECKTTSSLN
LMTYRWDNSFRIGSSFTGVLQKSAFASLSNSSAGSSPRAENKTNEGGSLCNDLLGSTIVHSSSLPA
M

SEQ ID NO: 77, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIX.480 sequência de ácido nucléico

AGTGATGACCATGAGGTCGCCATTTACAGTATCGCAATGGCAAGAACTGGAACATCAAGCTTTGAT
CTATAAGTACATGGTGGCAGGTCTGCCTGTTCCTCCTGATCTTGTGCTCCCTATTCAGAGGAGTTT
TGAGTCCATTTCTCATAGATTCTTCCACCATCCCGCCATGGGCTATTGCACTTTCTATGGGAAGAA
GGTGGATCCGGAGCCAGGTCAATGCAGGAGGACCGACGGCAAGAAGTGGAGGTGCTCCAAAGATGC
ATACCCGGGCTCCAAGTACTGTGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGGCTGT
GGAATCACAAACCATGACACAGTCATCGTCCACTGTGACATCACTGACTGTAACAGGAAGCAGCAG
TGGAACAGGGAGCTTCCAGAACCTTCCACTGCGCACATATGGTAATCCCCAGGGCACTGGTTCTGG
ACCTAACCAATCCCATTATCATATGAACTGCATTCCCCGTGGAATCCCAACTAAAGATTGCAGGTA
TCTTCAAGGACTGAAGACTGAGGGTGGCGAGCATAGCTTCTTGTCTGAACCTTCAGGATGCAAAAG
GGGTCTCCAGAAGGACTCACAGCTAGACAATGCCTGGTCTTTGATGCTATCCAGAGGCTCATCATT
CCCCACAGAGAAATCGACTGACGACTCGACGTTGAAGAATGATTATCCCCAGCATTCATTTTTCAG
TAGTGATTTCACCACCGGAGAACCCGTGAAACACGAAGGGCAGTCTCTTCGACCCTTCTTTGACGA
GTGGCCTGAGGACCAGGACATTTGGTCTGGCCTCAAAGATAATAGATCCAACTCCACCTCATTCTC
TACAACGAAGCTGTCGATGTCCATTCCAATTGCCTCATCTGGCTTCTCCACAAGTTCTCGTTCTCC
ACAAGAAAACTGAGAGGACAGAATGAGAATTTACAAAGCACGATCAAAGGTGATCCTCAACCAAAG
ATTGGTGTGTTAACTTGAAAACTCCTA

SEQ ID NO: 78, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIX.480 sequência de polipeptídeo traduzida

MTMRSPFTVSQWQELEHQALIYKYMVAGLPVPPDLVLFIQRSFESISHRFFHHPAMGYCTFYGKKV
DPEPGQCRRTDGKKWRCSKDAYPGSKYCERHMHRGRNRSRKAVESQTMTQSSSTVTSLTVTGSSSG
TGSFQNLPLRTYGNPQGTGSGPNQSHYHMNCIPRGIPTKDCRYLQGLKTEGGEHSFLSEPSGCKRG
LQKDSQLDNAWSLMLSRGSSFPTEKSTDDSTLKNDYPQHSFFSSDFTTGEPVKHEGQSLRPFFDEW
PEDQDIWSGLKDNRSNSTSFSTTKLSMSIPIASSGFSTSSRSFQEN

SEQ ID NO: 79, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_28.309 sequência de ácido nucléico

ACAACCCTCTGCAAAGATGCCAAAACTCCTCATGGATCCCCATCAACCACAACAACATCCACACTC
ATCTGGGTCTGCTGCCTTCCCTTTGTTTCTACCCGAGCCCAGCTGCAAAAATAGTAACCTGTCAGC
ATTTCCTGATTCAAACACAGCTGCAAACACCAGACTTCCTAAGATCATGGGGAATTACTTTAGCCT
GGAACAGTGGCAAGAGCTAGAGCTGCAGGCTTTGATCTACAGATTCATGTTAGCCGGTGCAGCTAT
TCCTCCGGAGCTCCTCCAACCAATCAAGAAAACCCTTCTTCATTCTCACCCCCCTCCATATTTCCT
CCATCATCCTCTTCAATTACATTGCTCTTATTATCAGCCATCTTGGTATTGGGGAAGAGCAGCCAT
GGATCCGGAGCCAGGTCGGTGCCGGAGAACAGATGGGAAGAAATGGCGGTGCTCCAGAGACGTGGT

FIGURA 5 cont.

GGCAGGGCACAAGTATTGCGAGCGCCACTTGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGA
AAATCCCACACCTACAATATCCACTAACATCACTTGCATTGGTATTGGAGGTGCGGGTGGTACCGC
ATCAGCTGCTGCTTTCAATTGCAGCACCACACCAACCATATCAGAGGTGGTCAATGAGACTCATTT
TTCGCATACACTAGAATCCCCTTCCATTCATCTCAATCATAGCTCCAAAACTGAAAGCAAGGGCTT
AATTGGACCACCACCTCCAAATGAGGTTGGTAACAGGTCTGATGGCCACATTCTGTGGCATTTTTT
TGATGACTGGCCACGATCCGTTGATGAATCCGACAATATGAATGCTGGAAGCTCAATGAACTCTTT
AACCTGCCTCTCCGTTTCAATGCCTGGAAACTCACCAGCATCAGATGTGTCATTGAAATTGTCCAC
TGGGAATAATATTGCAGAGGAGGAGCCGGAGCCAGTCCCAGCCCCGATCCCTAGAGGCAATACAAG
CAATTGGGCTGCTGCAGGATGGGGCACAAAAATTACAAACCAGGTGGTGACTTCAATGGGGGGACC
TCTTGCTGAGGCGCTGAGGTCCTCCACTACCAAACTCATCTCCCACGAATGTTCTGCACCAGTTAT
GTCGCCCCACTGTTTCTGAAACTTGATCTATTTTAGGTTAGTTTGTGGTGTAGTAACACATGCATG
CATACACACACACACACACACACACACACATCA

SEQ ID NO: 80, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_28.309 sequência de polipeptídeo traduzida

MDFHLKQWRNQHEESGQQPSAKMPKLLMDPHQPQQHPHSSGSAAFPLFLPEPSCKNSNLSAFPDSN
TAANTRLPKIMGNYFSLEQWQELELQALIYRFMLAGAAIPPELLQPIKKTLLHSHPPPYFLHNPLQ
LHCSYYQPSWYWGRAAMDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDVVAGHKYCERHLHRGRNRSRKPVENPTPT
ISTNITCIGIGELDQTTFSLFCFCFNLLAHPYCSSKTESKGLIGPPPPNEVGNRSDGHILWHFFDD
WPRSVDESDNMNAGSSMNSLTCLSVSMPGNSPASDVSLKLSTGNNIAEEFPEPVPAPIPRGNTSNW
AAAGWGTKITNQVVTSMGGPLAEALRSSTTKLISHECSAPVMSPHCF

SEQ ID NO: 81, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.688 sequência de ácido nucléico

GCGCTCGCTTGTGTTGTGGTGACAGGAGAAATGACACCATCTGTGAATGAGAGAGTGCTTTTTACA
GCTGCTCAGTGGCAAGAACTTGAAAGACAAACCACGATTTACAAGTACATGATGGCTTCTGTTCCT
GTCCCTCCTGAACTCCTTATACCCATCACCAAAAATCAATCAAATGTCCTTCCTCCACGGTCTAAC
AGTTCACTAGAACTGGGAATTCCTAGCCTGAACTCATCAGATGCAGAACCATGGAGATGCAAAAGA
ACTGATGGGAAAAAATGGAGGTGTTCAAGAGATGTGGCACCTGACCAGAAATACTGTGAGAGGCAC
TCTCATAAGAGCCGTCCCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATTACACACTCATGACTCCCCGAGGACA
TTGACCAACAATAACACTAACACCAACAATAGCAATTACTCCACTAATCCACACCTGTTTAATCAA
AAACCTTACTTTCCAAGCCATTTATTTATGTTTCCTAGTGCCATGGCCCCTTCTGCCAGCTCATAT
GATCAACCCAGGAGCTTGGAATGGCTCTTGAAAGGCGAGATTTTACCCGTTGCCAGTAATTACAGC
CAAGAATGGCAGCATTTGAAGAGAGACAGCATCAAGGGTAATGGCAAAGTGTACAACGTTTATGGA
GAAGAGCAGCCGCTTTGCTCAAATACATATAGAGGTGGCCATTCATTACAAGCTCAGAGGCTAAAT
GATCATTGCAGCGTGTTATCAAGTCCCAAATCAACTACTTTGGAAAGGGCTTTAAGTCCTAGCCTG
ACCCAAGAACAAGAGACAAGGCACTTCATTGATGCTTGGTCAACTAATTCAGGGAGAGACGACATT
GGTGGGATTGGTAAAAAAAGTTACGTTTCTTCAAGTGAGAAGTTAGTATTGCCACATTCAGCTCTT
ACATTGTCAATGTCACCTGGCACTGGAAGTGAAACTAATAATGAAGGAAATGGGAGTGCTCAACTG
AGTAGTTTTGGGATCATGGGATTATCAGATAGAGATCATCAGAGTGCGAGTGGCTTGAGACCTCAG
TGGATGATGAGTCATGGTGGTTCATGGATAGTATCACCACCTGGTGGACCATTAGCTGAAGCCTTG
TGTCTTGGCATTTCCAGCAATGCAAAAACTGCTTCCAATTTACCATCCCCTTGCAGCAGTAGCTGT
GGCCCCAATTAATGTCAACAAAAACCAACCGCTATAGTTTGTTGTAAATTCTGGCTGGGTAGAGGC
CAGAGGGTAGAAGCTAATGTGGCCCA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 82, Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.688
sequência de polipeptídeo traduzida

MRSSWSRTRSGVFVDDIGLGLRMQDNLESCSGSSKRSVTAMSCDHEPAAHELSSSSCSGGGGGSGP
LFYSTSNHVTCLGDIKDVVASVSASGTGTPDAIAESKSLQYPYFISDSSPFTFNSSGEMTPSVNER
VLFTAAQWQELERQTTIYKYMMASVPVPFELLIPITKNQSNVLPPRSNSSLELGIPSLNSSDAEPW
RCKRTDGKKWRCSRDVAPDQKYCERHSHKSRPRSREPVELHTHDSFRTLTNNNTNTNNSNYSTNPH
LFNQKPYFPSHLFMFPSAMAPSASSYDQFRSLEWLLKGEILPVASNYSQEWQHLKRDSIKGNGKVY
NVYGEEQPLCSNTYRGGHSLQAQRLNDHCSVLSSPKSTTLERALSPSLTQEQETRHFIDAWSTNSG
RDDIGGIGKKSYVSSSEKLVLPHSALTLSMSPGTGSETNNEGNGSAQLSSFGIMGLSDRDHQSASG
LRPQWMMSHGGSWIVSPPGGPLAEALCLGISSNAKTASNLPSPCSSSCGPN

SEQ ID NO: 83, Saccharum officinarum Sacof_GRF
sequência de ácido nucléico contiguo CA084837.1, CA238919.1,CA122516.1

CCAGCATCCACTCTCTCATCAGCAGCCTCTTCTTCTTCTCCCCCAAATGAGTGCTGAGTTTTGTGC
TGCTGCGGGCATGGAGCTCGGAGTCGGGGATGTGATGGGGCTGCAGCAAGGCATCGCCATCACCGC
GCCATCGCCCAGGGGCAGCGGCGACCTGGGTCTTCTCAAGCGAGCAGCCCTCACCCAGGCAGCAGC
TGGCCCCTACCCCTCCCCCTTCCTCGACGAACAGAAGATGCTCAGGTTCTCCAAGGCGGCTCACAC
ATTGCCCTCAGGGCTAGGCTTGGATTTTGGAGGCCCAAGCGAGCAGGCTTTCCTGCTGTCCAGGAC
CAAGAGGCCATTTACTCCCTCGCAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTGATATACAAGTATCT
CAATGCAAAGGCCCCCATACCTTCCAGCCTGCTCATTTCAATCAGCAAGAGCTTCAGATCATCCAA
TAGAGTGAGCTGGAGGCCTCTCTATCAAGGCTACACAAATGCAGACTCTGACCCAGAGCCTGGAAG
ATGCCGACGAACAGATGGAAAGAAGTGGCGATGCTCCAAGGAGGCAATGGCTGATCACAAGTACTG
TGAGCGGCACATCAACAGAAACCGTCACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAAACCAACCCAAAAAGAC
CACCAAGGAGGTGCCTGCTGCTGCTAGCTCATTGCCATGTGCTGGGCCACAAGGTTGCTTGAAGAA
GGCAAAAGTTAATGACTCCAAGCCAGGCACTGTCAGCTGTTGGACAGATAGTTTAAACAGGACAAT
GTTGAGCAGAGAGAAAGCAAACAAACCGACGGAGGACAACTCTTTGCTGCTTAATTCTACGAATAG
CCAGCCCACCTTGTCCCTGCTCTCTCAACTGAAGCAGCAGAACAAACCAGATAAGTTAGGTCCCAC
ACTGGAAAATGAGTCAAACTCAGACACAATACTGAAAGCCTGGGGTGGCAACCAGCCTAGCCACAA
GAGCATTTCCTCCACACAGCACCATGATGCTGAATCCCTCCAATCAGTCCTTCAAAATTTCAGCCT
AGCCCAGAATGAGAAGATGGAGTCAGAAAAGAACAAATATTCTGATTCCATGCTAGTTTCATCGAC
TTTCTATTCTGCAGACGGTCCACGATCTACCTGCCTTACACCTAACATGACACAAGTGCAGCAGGA
TTGCATATCAAGCTCTTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCTAGGCGAGATCTTAACCAACTCCAA
GAATAGTGAGGACTTAAGCAAGTGTGAATCAAGGTCATATGGTTGGTTATTGAATCTTGACCATGC
ACCATGATTCCTCAATCCATGGAGAGCTTGACATAGATGTCTCACCATGGAAGCAAACAATGGTCA
GAAAAAGAAGGTTCAAATGACCACATTGTTTGCCCCATGCATGCTCGCTATCTACATTTGTATTTC
TGTTTTGTAGCATTTAGCTAGTTGAATTATCAGTTCTTCTGAATCTGGCTGTATTTTAAACAAATT
CTAGTTTGTGTCAGATGATATCTTGCTTGCTAGATGTTTCATGTCTAACTTTCAACAGGAACTTCA
GAGATCCATTTTGATCAACAGAAAACTGTTTGAAGAACC

SEQ ID NO: 84, Saccharum officinarum Sacof_GRF
sequência de polipeptídeo traduzida

MSAEFCAAAGMELGVGDVMGLQQGIAITAPSPRGSGDLGLLKRAALTQAAAGPYPSPFLDEQKMLR
FSKAAHTLPSGLGLDFGGPSEQAFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALIYKYLNAKAPIPSSLLISIS
KSFRSSNRVSWRPLYQGYTNADSDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAMADHKYCERHINRNRHRSRKFV
ENQPKKTTKEVPAAASSLPCAGPQGCLKKAKVNDSKPGTVSCWTDSLNRTMLSREKANKPTEDNSL
LLNSTNSQPTLSLLSQLKQQNKPDKLGPTLENESNSDTILKAWGGNQPSHKSISSTQHHDAESLQS
VLQNFSLAQNEKMESEKNKYSDSMLVSSTFYSADGPRSTCLTPNMTQVQQDCISSSWEMPQGGPLG
EILTNSKNSEDLSKCESRSYGWLLNLDHAP

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 85, Vitis vinifera Vitvi_GRF
sequência de polipeptídeo traduzida AM468035

ATGATGATGAGTGCAAGAAACAGGTCTCCTTTCACAGCATCACAGTGGCAAGAGCTTGAACATCAA
GCTCTTATCTTCAAATATATAGTGTCAGGAGTACCAATCCCAGCTGATCTCATCTGCACTGTCAAA
AGAAGCTTGGACTCTTCATTGTCTTCAAGGCTATTTCCTCACCAACCCATTGGGTGGGGTTGTTTT
CAGATGGGGTTTGGCAGGAAAGCAGACCCAGAGCCAGGGAGGTGCAGAAGAACTGATGGCAAGAAA
TGGAGGTGCTCCAAAGAAGCATACCCAGATTCAAAATACTGTGAGAGACACATGCACAGAGGCAAA
AACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTTATTTCAGCTACAAACCCTTCACCAACCATCTCATCAATC
AACTCAAATCCTTCCTCCACCACCACCAATTCTTACTCTCTCTCTCCTCTCTCTCCTCTCTCTTCT
TCAATGACTTCTGAAACCTCCCATCCCCATCACCATTCCTACCACAACACCTCTCTTTATCCCTTC
CTCTACCCTCACCCCTCCTCTTCTAGACCTCCTGGTTCTTGCCTATCACCTCAAGCCACCAGCAGT
TACAGCACCCATCATCTGTTTTTGGACTCTGGGTCTTATTCCCAGGCTGATAGGGATTACAGGGGT
GTGGATGAGAGAGCTTTCTTCCCAGAAGCTTCAGGGACTGTAAGGGGCCTACATGATTCATATACT
CCATTAACAATGAGTTCCTCCAAGGGATACTCTCACTTTCAGTATCAAAGCCCCGCTGATAATCCC
AAACAGCAGCAAGAACAGCAAGAGCAGCAGCACTGCTTTGTCTTGGGCACTGATTTCAAATCGTCA
AGGCCAATTAAAGTAGAGAGAGATGATGAAGCCCAGAAGCCTCTCCACCATTTCTTTGGAGAGTGG
CCTCTAAAGAACAGAGACTCCTGGCTTGACCTTGAGGAGGATCCACCAACCCATGCATCATTCTCC
ACCACCCAGCTCTCAATTTCAATCCCAATGTCCTCACACAAGCTTCTTGCATCGGATTCCAGAATC
CAAACTGGTACTTAGACTTCACTTCAGATTTGGCCTTCTTGCCCTTTATTTCCCTTTTCTGCTAA
GTCTCATCTTCTACTTCATTTTCCCCCTTGTGCAGATGGATGAGTTCTCAATACTGGTTCTTCTG
ATCATGGCCAAAAAAGTACTTGTACTGGTGGGTTCAATGCTTTTCTTGTTGATTTTGTGACTGAAG
GAAGTTTCTTTTGCCAAATGTGCGGATGAATAATGTAGGGCCTATAGGAGGATTCTTGTCTTTGTG
CTTTCTGAGTTGCTAATTTTCATTCTTATCTTTAAAGAAACATGTTTGAATTTGTAGACTTGTTTG
TTTGACAGGAAGCATCTTGATATGGTTTTTGAGTTTGAGTTTGAGTTGTTCTCTAATCTCTATGTT
GTTTTGTGAGTTGTGGCCACCTTTTCTTTTCCCTTTGGCTTCTGCTTATTGTACTTCAGAAAG

SEQ ID NO: 86, Vitis vinifera Vitvi_GRF
sequência de polipeptídeo traduzida

MMMSARNRSPFTASQWQELEHQALIFKYIVSGVPIPADLICTVKRSLDSSLSSRLFPHQPIGWGCF
QMGFGRKADPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMHRGKNRSRKPVEVISATNPSPTISSI
NSNPSSTTTNSYSLSPLSPLSSSMTSETSHPHHHSYHNTSLYPFLYPHPSSSRPPGSCLSPQATSS
YSTHHLFLDSGSYSQADRDYRGVDERAFFPEASGTVRGLHDSYTPLTMSSSKGYSHFQYQSPADNP
KQQQEQQEQQHCFVLGTDFKSSRPIKVERDDEAQKPLHHFFGEWPLKNRDSWLDLEEDPPTHASFS
TTQLSISIFMSSHKLLASDSRIQTGT

SEQ ID NO: 87, Zea mays Zeama_GRF10_gi_146008494_gb_EF515849.1
sequência de ácido nucléico

AGAGCGCCGTATCACCTGTCTCTCCGTCCACCGCCGTCTCGATCCGCGCCAAAGATACCTTTCCCC
CACCCCTTCCTCGCGCCGCCGTTTGGTGCGACCATGACGGCGGAGGGGGAGGCCAAGAACCCGTCG
GCCGGTGGCGGAGGGGATAACCCCCAGCACCAGCAGGCTGCGCCGGCGCCGGCGCCGGCACAGGGG
GAAGTGGCGCAGGAGGCTGCAGTGCAGGGGACGGGACAAGAGCAGGAGCGGGACAAGGCGGATCGA
GAGGTGCAGGGCGGCGCGGGGGAGAAGGACGACGGCGCGTGCAGAGATCTGGTCCTGGTCGAGGAT
CCGGAGGTCCTCGCCGTCGAGGATCCGGAGGAAGCTGCAGCAACCGCAGCACTCCAGGAAGAAATG
AAAGCGCTTGTGGCATCGATCCCTGATGGTGCTGGAGCAGCATTCACAGCCATGCAGCTTCAGGAG
CTAGAGCAGCAGTCCCGGGTGTACCAGTACATGGCTGCCCGAGTACCTGTGCCTACTCACCTCGTC
TTCCCGGTATGGAAGAGTGTGACCGGTGCATCCTCTGAAGGCGCCCAGAAGTACCCTACTTTGATG
GGCTTAGCAACGCTCTGCTTGGACTTTGGGAAGAACCCGGAACCAGAACCAGGGAGGTGTCGGCGA
ACAGATGGTAAGAAATGGCGATGTTGGAGAAACACTATCCCAAACGAGAAATACTGCGAACGTCAC

FIGURA 5 cont.

ATGCATCGTGGCCGCAAGCGTCCTGTACAGGTTTTCCTGGAGGACGACGAGCCCGATTCTGCTTCA
GGGTCAAAACCCGCCGCTCCTGGCAAGGCTACCGAAGGTGCCAAGAAGGCCGATGACAAGAGCCCA
AGCAGCAAGAAGCTTGCAGTGGCAGCGCCTGCCGCTGTGCAGTCTACATAGTCAATTGCAGCTTTA
GTAGCCCGCAGAAAGAGCATA

SEQ ID NO: 88, Zea mays Zeama_GRF10
sequência de polipeptídeo traduzida
MTAEGEAKNPSAGGGGDNPQHQQAAPAPAPAQGEVAQEAAVQGTGQEQERDKADREVQGGAGEKDD
GACRDLVLVEDPEVLAVEDPEEAAATAALQEEMKALVASIPDGAGAAFTAMQLQELEQQSRVYQYM
AARVPVPTHLVFPVWKSVTGASSEGAQKYPTLMGLATLCLDFGKNPEPEPGRCRRTDGKKWRCWRN
TIPNEKYCERHMHRGRKRPVQVFLEDDEPDSASGSKPAAPGKATEGAKKADDKSPSSKKLAVAAPA
AVQST

SEQ ID NO: 89, Zea mays Zeama_GRF11 gi_146008515_gb_EF515850.1
sequência de ácido nucléico
GCCTCTGACACCAGCACAAACCTGGAGACTACTACTAGTATTGGAGTCCCCTCCACTTCCACCTCC
CTTGCCACTGAAGCGAGAGCTCTCGGAGCCGTCGTCCTCTGTCTCTCATCCTTCTTCGTTGTTGAG
CAAAGCGGGCTCGAGGAGGAGATGATGCTGAGCGGGCACGGCGGCGGGAGGCGCCTGTTCACGGCG
TCGCAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAGGCGCTCATCTTCAAATACATGGCCTCCGGCGCGCCCGTG
CCGCACGACCTCGTCCTGCCGCTCCGCCTCGCCACCGGCGTCGACACCGCGCCCTCCCTCGCCTTC
CCGCCCCAGCCTTCGCCGTCGCTGGCGTACTGGGGCTGCTATGGCGCGGGGGCGCCGTTCGGCCGC
AAGGCGGAGGACCCGGAGCCCGGGCGGTGCCGGCGGACGGACGGCAAGAAGTGGCGATGCTCCAGG
GAGGCCCACGGAGACTCCAAGTACTGCGAGAAGCACATCCACCGCGGGAAGAGCCGTTCAAGAAAG
CCTGTGGAAGTGACCTCCCCCGCCGCCTACCGCCCGTCCGCGTTCTCCATCTCGCCGCCTCGCGCG
GCCGACGCGCCGCCGCCGCCGCCGGGCCTCGGCCACCCGCAGCAGCAGCATCTCCGCCACGGCGCT
CTCTCTCCAGCAGGCCGCGCCCACGCCGCTGGCGCTCTCCAGCTCCACCTCGACTCGAGCCTGCAC
GCGGCGTCGCCGCCGCCGTCCTACCACAGGTACGCCCACTCCCACGCTCACTACACGCCGCCGCCG
CCGCCGTCGCTCTACGACTACGGGCAGTCCAAGGAGCTTCGGGAGGCGGCGGAGCTCAGGCGGCGG
CACTTCCACGCGCTCGGGGCCGACCTGAGCCTCGACAAGCCGCTGGCCGACGCCGGGGCCGCGGAG
AAGCCCCTGCGGCGTTTCTTCGACGAGTGGCCGCGGGAGAGAGGCGACACGAGGCCGTCGTGGGCG
GGGGCGGAGGACGCGACGCAGCTCTCCATCTCCATCCCCGCGGCTTCGCCCTCCTCTGACCACGCT
GCCTCTGCCGCCGCGCGATGCCACAACGATGGGAGTGATCGGTGCATCTCCTAGCTGCAACTGCAA
TGCAAGCCTGCAACCGCGTGGATTGTTGTTGATTGGTGTAGTTTCCTAGCTGCAATTCAAGCCTGC
AACAGCGAGCAGTGAGCAGCAAATGCGTGGGGAGGGCACGCAGCTCAGGCTGATGCGCAAAATCCG
AAGCGAGTCAAGCAGCAATAGGACTCTAGGTCTATGATTTGATCTTCCTTTGTAGCAGTACGTTAC
CAAAATGTTAGCTCGTTGTTGTTCGGTGTGACATTTTCGTTCAGGTTGCTCC

SEQ ID NO: 90, Zea mays Zeama_GRF11
sequência de polipeptídeo traduzida
MMLSGHGGGRRLFTASQWQELEHQALIFKYMASGAPVPHDLVLPLRLATGVDTAPSLAFPPQPSPS
LAYWGCYGAGAPFGRKAEDPEPGRCRRTDGKKWRCSREAHGDSKYCEKHIHRGKSRSRKPVEVTSP
AAYRPSAFSISPPRAADAPPPPFGLGHPQQQHLRHGALSPAGRAHAAGALQLHLDSSLHAASPPPS
YHRYAHSHAHYTPPPPPSLYDYGQSKELREAAELRRRHFHALGADLSLDKPLADAGAAEKPLRRFF
DEWPRERGDTRPSWAGAEDATQLSISIPAASPSSDHAASAAARCHNDGSDRCIS

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 91, Zea mays Zeama_GRF12 gi_146008534_gb_EF515851.1
sequência de ácido nucléico

CGCATCCGTTCTCTATCGAAAGGGAGGAGGAGGAGCGCGCGGGAGTGGGCTGGGGGCCCACCGATG
CTGAGCTCGGCGTCCTCGGCCGGGGCGGCCATGGGGATGGGCGGCGGGTACCAACACCAGCCGCTG
CCACTGCCGCAGCGCGGGGCGGCGGCCGCGGTCTTCACCGCCGCGCAGTGGGCGGAGCTGGAGCAG
CAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCATGGCCGGCGTCCCCGTCCCGCCCGATCTCCTCCGCCCCGCC
CCCCACGCCGCCGCCTTCTCCTTCGCCAGCCCCGCCGCGTCGCCCTTCTACCATCACCACCACCAC
CACCCGTCCCTGAGTTACTACGCCTACTACGGGAAGAAGCTGGACCCGGAGCCGTGGCGGTGCCGC
CGCACCGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCGCACCCCGACTCCAAGTACTGCGAGCGC
CACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCCAAGACCGCCTCCTCGCCGCCC
CAGCTGTCCACCGTCGTCACCACCACCACCACCCGGGAGGCCGCCGCCGCGACGCCCCTCGAGTCC
CTCGCGGGGGCGGGGGGTAAGGCTCACGGCCTGTCCCTCGGCGGCGGGGCTGGCTCGTCGCACCTC
AGCGTCGACGCTTCGAACACTCACTTTCGCTATGGCAGCAAGTACCCTCTTGGAGCTAAATCCGAT
GCTGGCGAGCTGAGCTTCTTCTCAGGAGCACCAGGGAACTCCAGGGGCTTCACCATTGATTCTCCA
GCAGATAACTCTTGGCACTCCCTGCCATCCAACGTGCCCCCGTTTACACTGTCCAAGGGCAGAGAT
TCTGGCCTCCTGCCTGGAGCGCCACCAGTCGTCGTTCAGCAGCAGCGGGGCCGGCGCTGGTGGGTT
GCTGGGGAGCGTGAAGCAGGAGAACCAGCCGCTGAGGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCTGGGACGCG
GGACTCGTGGTCGGAGATGGACGACGCGAGGTCCAGTAGGACCTCCTTCTCGACGACCCAGCTCTC
CATCTCCATTCCGATGCCCAGATGTGATTGAGAACGAAGCTCG

SEQ ID NO: 92, Zea mays Zeama_GRF12
sequência de polipeptídeo traduzida

MLSSASSAGAAMGMGGGYQHQPLPLPQRGAAAAVFTAAQWAELEQQALIYKYLMAGVPVPPDLLRP
APHAAAFSFASPAASPFYHHHHHHPSLSYYAYYGKKLDPEPWRCRRTDGKKWRCSKEAHPDSKYCE
RHMHRGRNRSRKPVESKTASSPPQLSTVVTTTTTREAAAATPLESLAGAGGKAHGLSLGGGAGSSH
LSVDASNTHFRYGSKYPLGAKSDAGELSFFSGAPGNSRGFTIDSPADNSWHSLPSNVPPFTLSKGR
DSGLLPGAPPVVVQQQRGRRWWVAGEREAGEPAAEALLRRVAWDAGLVVGDGRREVQ

SEQ ID NO: 93, Zea mays Zeama_GRF13 gi_146008539_gb_EF515852.1
sequência de ácido nucléico

CCTCCCGTCAGCCTCTTCTTCTCCCCCTGATGAGCGCTGAGTTCTGTGCTGCCGCCGCTGGTGCTG
TGGCCATGGAGCTCGGAGTCGGGGATGTGATGGGGCTGCAGCAAGGCATCGCCGCCGCCACCGGGC
CATCGTCCGGAGACAGCGACCTGGGTCTTCTCAAGCGAGCAGGCCTCGCCCAGGCAGCCACCTCCT
ACCCCTCCCCTTTCCTCGACCAACAGAAGATGCTCAGGTTCTCCAAGGCGGCGGCGGCTCACACGT
CGCCCTCAGGCCTAGATTTCGGAGGAGGCCCAAGCGAGCAGGCTTTCCTGCTGTCCAGGACCAAGC
GGCCGTTCACCCCGTCGCAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTCATATACAAGTATCTCAATG
CCAAGGCCCCCATACCTTCCAGCCTGCTCGTTTCCATCAGCAAGAGCTTCAGGTCATCCAACAGAG
TGAGCTGGAGGCCTCTTTACCAAGGCTACGCAAACGCAGACTCCGACCCAGAACCTGGGAGGTGCC
GGCGGACAGACGGAAAGAAGTGGCGGTGCTCTAAGGAGGCGATGCCTGATCACAAGTACTGCGAGC
GCCACATCAATAGGAACCGCCACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAAACCAACCTAGAAAGACCAGCA
AGGAGGTGCCTACCGCTGCTGCTGGCTCGTTGCCGTGTGCCGGGCCACAAGGTAGCTTGAAGAAGG
CAAAAGTTAATGACTCCAAGCCAGGCACTGGCAGCTATTGGACAGATAGCTTAAACAGGACAATGC
TGAGCAGGGAGAAGGCAAACAAACCGACGGAAGACGAGTCTTTGCTGCTTAGTTCTACGAAGAACA
GCCAGCCCACCTTGTCCCTGCTCACTCAACTGAAGCAGCAGAACAAACCAGATAAGTTAGGTCCCA
CACCGGAAAATGAGCCGAACTCGGACACAATGTTGAAAGCCTGGGGTGGCAGCCACCACAAGAACA
TTTCCTCCACACAGCGCCATGACGCTGAATCCCTCCAATCAGTCCTCCAAAATTTCAGCCTAGCCC
AGAATGACAGGTTGGAGTCAGAAAAGAACAGATATTCTGATTCCGTGCTAGTCTCATCGGCTTTCT

FIGURA 5 cont.

ATTCTGCAGACGGTCCACAAACTACCTGCCTTACACCTAACATGACACAAGTGCAGCAGGACTGCA
TATCAAGCTCCTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCTAGGCGAGATCTTAACGAACTCCAAGATTA
GTGAGGACTCAAGCAAGTGTGGATCTAGGTCATATGGTTGGCTATTGAATCTTGACCATGCACCAT
GATTCCTC

SEQ ID NO: 94, Zea mays Zeama_GRF13
sequência de polipeptideo traduzida

MSAEFCAAAAGAVAMELGVGDVMGLQQGIAAATGPSSGDSDLGLLKRAGLAQAATSYPSFFLDQQK
MLRFSKAAAAHTSPSGLDFGGGPSEQAFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALIYKYLNAKAPIPSSLL
VSISKSFRSSNRVSWRPLYQGYANADSDFEPGRCRRTDGKKWRCSKEAMPDHKYCERHINRNPHRS
RKPVENQPRKTSKEVPTAAAGSLPCAGPQGSLKKAKVNDSKPGTGSYWTDSLNRTMLSREKANKPT
EDESLLLSSTKNSQFTLSLLTQLKQQNKPDKLGFTPENEPNSDTMLKAWGGSHHKNISSTQRHDAE
SLQSVLQNFSLAQNDRLESEKNRYSDSVLVSSAFYSADGPQTTCLTPNMTQVQQDCISSSWEMPQG
GPLGEILTNSKISEDSSKCGSRSYGWLLNLDHAP

SEQ ID NO: 95, Zea mays Zeama_GRF14 gi_146008560_gb_EF515853.1
sequência de ácido nucléico

GCCACCAAGAGCCCTCCAACACACACCTGACCTCCCCTTCCCCCCCTCTCTCCGCCGCCCGTTCCCC
GCGCCTCCGCCCGTACGTCCCGTTCCCGGTCGGCCGGCCGGTCCAAAGGGAGGGGAGGAGGAGGGG
CGCGGGAGTCGGGGCCCGCACCGATGCTGAGCTCGGCATCCTCGGCCGCGGGGGCGGCCATGGGGA
TGGGCGGCGGCGGGTACGCGCACCAGCCCCCGCCACAGCGCGCGGTCTTCACCGCCGCGCAGTGGG
CGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCATGGCCGGCGTCCCCGTCCCGCCCGACC
TCCTCCTCCCCGTCCGCCCCGGCCCCGCCGCCGCCTTCTCCTTCGCCGGCCCCGCCGCCGCGTCGC
CCTTCTACCACCAACACCACCCGTCCCTGAGCTACTACGCCTACTACGGCAAGAAGCTGGACCCGG
AGCCGTGGCGGTGCCGCCGCACCGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCGCACCCCGACT
CCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCCAAGA
CCGCCTCGTCGTCGTCGCCCGCGCACCCGTCGCCGCCCCAGCTGTCCACCGTCACCACCACCGCGC
CTCTCGAGCCCCTTGCAGCGGCGGGGGGCAAGGTCCACGGCCTGTCCCTCGGCGGCGGCGCTGCTG
GCTCGTCGCACCTCGGCGTCGATGCTTCGAATGCTCACTATCGTTATGGTAGCAACAGGTACCCTC
TCGGAGCTAAACCGGACGGCGGCGAGTTGAGCTTCTTCTCAGGAGCGTCATCGGGGAACAACTCGA
GGGGTGGCTTCACCATCGACTCTCCATCAGATAACAACTCGTGGCACTCCGCCCTGGCGTCCAGCG
TGCCCCCGTTCACGCTGTCGACGAAGAGCGGGGACTCCGGCCTCCTGCCCGGCGCCTACGCCTCCT
ACTCCCAGTCCCACTCCCACATGGAGCCGCCGCGGGAGCTCGGGCAGGTCACCATCGCCTCGCTGG
CGCAGGAGCAGGAGCGCCAGCAGCCGTTCAGTGGTGGGATGCTCGGGAACGTGAAGCAGGAGAACC
AGAACCAGCCGCTGCGGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCCGGGACGCGGGCGGACTCGTGGCCGCCGG
AGATGGACGGCGCGCCGCGGGCCGGCAGGACCTCCTTCTCCTCCTCCACCACCCAGCTCTCCATCT
CCATCCCGATGCCCAGATGTGAGCTGCATCTCAGAAACCAGAACTCTTAATTCTGTTCGCTGCCCG
AATCATGCTTGACCGAAACTTGTTTTCTGCAGGCGACTGACGAGGAACCGTCGATCGGGCGGCCAC
TAGACGGTGGACGCTCACGCTCACTAGTGCGCTGTCGCCTGGAGTGGAGATCGA

SEQ ID NO: 96, Zea mays Zeama_GRF14
sequência de polipeptideo traduzida

MLSSASSAAGAAMGMGGGGYAHQPPPQRAVFTAAQWAELEQQALIYKYLMAGVPVPPDLLLPVRPG
PAAAFSFAGPAAASPFYHQHHPSLSYYAYYGKKLDFEPWRCRRTDGKKWRCSKEAHPDSKYCERHM
HRGRNRSRKPVESKTASSSSPAHPSPPQLSIVTTTAPLEPLAAAGGKVHGLSLGGGAAGSSHLGVD
ASNAHYRYGSNRYPLGAKPDGGELSFFSGASSGNNSRGGFTIDSPSDNNSWHSALASSVPFFTLST
KSGDSGLLPGAYASYSQSHSHMEPPRELGQVTIASLAQEQERQQPFSGGMLGNVKQENQNQPLRPF
FDEWPGTRADSWPPEMDGAPRAGRTSFSSSTTQLSISIPMPRCELHLRNQNS

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 97, Zea mays Zeama_GRF1 gi_146008330_gb_EF515840.1 sequência de ácido nucléico

GACAGGTTGAGATGGCGATGCCGTATGCCTCTCTTTCCCCGGCAGGCGCCGCCGACCACCGCTCCT
CCACAGCCACGGCGTCCCTCGTCCCCTTCTGCCGCTCCACCCCGCTCTCCGCGGGCGGCGGGCTGG
GGGAGGAGGACGCCCAGGCGAGCGCGAGGTGGCCGGCCGCGAGGCCGGTGGTGCCGTTCACGCCGG
CGCAGTACCAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATATACAAGTACCTGGTGGCCGGCGTGCCCGTTC
CGCCGGATCTCGTGGTTCCAATCCGCCGCGGCCTCGACTCCCTCGCTACCCGCTTCTACGGCCAAC
CCACACTCGGGTACGGACCGTACCTGGGGAGGAAACTGGATCCGGAGCCCGGCCGGTGCCGGCGAA
CGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAAGCCGCCCCGGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACA
TGCACCGCGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACGCAGCTCGCGCCCCAGTCCCAACCGC
CCGCCGCCGCGGCCGTCTCCGCCGCTCCGCCCCTGGCAGCCGCCGCCGCCGCCACCAACGGCA
GCGGCTTCCAGAACCACTCTCTCTACCCGGCCATCGCCGGCAGCACTGGTGGTGGAGGAGGAGTTG
GCGGGTCCGGCAATATCTCCTCCCCGTTCTCCTCGTCGATGGGGGGGATCGTCTCAGCTGCACATGG
ACAGTGTTGCCAGCTACTCCTACGCAGCTCTTGGTGGTGGAACTGCAAAGGATCTCAGGTACAACG
CTTACGGAATAAGATCTCTGGCGGACGAGCACAACCAGCTGATCGCAGAAGCCATCGACTCGTCGA
TAGAGAGCCAGAGGCGCCTCCCCAGCTCGTCGTTCCCGCTCTCGAGCTACCCACATCTCGGGGCGC
TGGGCGACCTGGGCGGCCAGAACAGCACGGTGAGCTCGCTGCCGAAGATGGAGAAGCAGCAGCCGC
CCTCGTCCTTCCTAGGGAACGACACCGGGGCCGGCATGGCCATGGGCTCCGCCTCCGCGAAGCAGG
AGGGCCAGACGCTGCGGCACTTCTTCGACGAGTGGCCCAAGGCGCGGGACTCCTGGCCGGGCCTCT
CCGACGAGACCGCCAGCCTCGCCTCGTCCCCCCCGGCGACCCAGCTGTCGATGTCCATACCCATGG
CGTCCTCCGACTTCTCCGTGGCCAGCTCCCAGTCGCCCAACGATGACTAATGGTGCGTGGATCGTC
GCGTTCTGGCCCTTTGTCTATCTCCCCTCCAGTCCTCCACCCACCGCGCAGTAGTAGCTGCGGAAA
CAGCCCATGCTCCTGTATATTTGTCGGTCATTTCCGTGTCAGATCTGTGTACCAAACCAAGCGGC
GG

SEQ ID NO: 98, Zea mays Zeama_GRF1 sequência de polipeptídeo traduzida

MAMPYASLSPAGAADHRSSTATASLVPFCRSTPLSAGGGLGEEDAQASARWPAARPVVPFTPAQYQ
ELEQQALIYKYLVAGVPVPPDLVVPIRRGLDSLATRFYGQPTLGYGPYLGRKLDPEPGRCRRTDGK
KWRCSKEAAPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVETQLAPQSQPPAAAAVSAAPPLAAAAAAATNGSGFQ
NHSLYPAIAGSTGGGGGVGGSGNISSPFSSSMGGSSQLHMDSVASYSYAALGGGTAKDLRYNAYGI
RSLADEHNQLIAEAIDSSIESQRRLPSSSFPLSSYPHLGALGDLGGQNSTVSSLPKMEKQQPPSSF
LGNDTGAGMAMGSASAKQEGQTLRHFFDEWPKARDSWPGLSDETASLASSPPATQLSMSIPMASSD
FSVASSQSPNDD

SEQ ID NO: 99, Zea mays Zeama_GRF2 gi_146008352_gb_EF515841.1 sequência de ácido nucléico

CCATCTGGCCATCTCCCCTTCCCCTGCTCCCCCCGAAGCAGCAAGCCAGCCTGCCCACCCGCAGCCA
TCACCTCCGCCGCTCTCCACCATGAATCCCATCCACCAGCACGACATCGTACCCAATCCTTCGTGA
CTGTTGCCTCCGCGCATCTCCGGGAGCAATGGAAGGAGGCCGAGATGTGTTCTTAGGTGCGGCGGC
AAGGGCGCCGCCGCCGCCGCCGTCTTGCCCGTTTCACGGATCCGCTACCGCCACCCGCTCCGGTGG
AGCGCAGATGCTCAGCTTCTCCTCCAATGGCGTAGCAGGGTTGGGTCTGTGCTCAGGTGCCAGCAA
GATGCAGGGTGTGTTGTCGAGGGTGAGGAGGCCCTTCACTCCGACGCAGTGGATGGAGCTGGAGCA
CCAGGCCCTGATCTACAAGCACTTCGCTGTGAATGCCCCTGTGCCGTCCAGCTTGCTCCTCCCTAT
CAAAAGAAGCCTCAATCCATGGAGCAGCCTTGGCTCCAGCTCATTGGGATGGGCACCATTTCGTTC
CGGCTCTGCTGATGCAGAACCAGGAAGATGCCGCCGCACAGATGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCTAG
AGATGCTGTCGGGGACCAAAAATACTGTGAGCGATACATAAAACGTGGTTGCCACCGTTCAAGAAA
GCATGTGGAAGGCCGAAAGGCAACACCGACCACTGCAGATCCAACCATGGCTGTTTCTGGTGGTTC
ATTGTTGCACAGCCATGCTGTTGCTTGGCAGCAGCAGGGCAAAAGCTCAGCTGCTAATGTGACTGA

FIGURA 5 cont.

TCCATTCTCACTAGGGTCCAACAGGAATTTGCTGGATAAGCAGAATCTAGGTGACCAGTTCTCTGT
ATCCACTTCCATGGACTCCTTTGACTTCTCATCATCACATTCTTCCCCAAACCAAGCCAAAGTTGC
ATTTTCACCGGTGGCCATGCAGCACGAACATGATCAGCTGTATCTTGTGCATGGAGCCGGCAGCTC
AGCAGAAAACGTTAACAAGTCTCAGGATGGTCAGCTGCTAGTCTCGAGGGAAACAATTGACGACGG
ACCTCTGGGCGAGGTGTTCAAGGGCAAGAGTTGCCAGTCAGCATCCGCAGACATCTTAACTGACCA
TTGGACTTCGACTCGTGACTTGCGTCCTCCAACCGGAGTCCTACAAATGTCTAGCAGCAACACAGT
GCCAGCAGAGAATCACACGAGTAACAGTAGCTATCTCATGGCGAGGATGGCGAATTCTCAGACCGT
CCCAACACTCCACTGAGTGTTCATCAGGCTGGTCTTTGTTGGGACCACAAAATAACTGAAGCCATG
TTGATGTCCTGAGTTTGCTGATACAGTGATACTAGGTTTTCAGTCGAGTCTTGTAACTCCTGTTTT
AGAGTTGTTATATGTTCACGTCATGTTGCCTTTCATTTCGGTTTCATTCAGATGGGTGTACTAAT
AATTTCTTTCCTTCTTACCTGTGAAGGATTTGAGTTCCAATCTGAGACGTGGGT

SEQ ID NO: 100, Zea mays Zeama_GRF2
sequência de polipeptídeo traduzida

MEGGRDVFLGAAARAPPPPPSCPFHGSATATRSGGAQMLSFSSNGVAGLGLCSGASRMQGVLSRVR
RPFTPTQWMELEHQALIYKHFAVNAPVPSSLLLPIKRSLNPWSSLGSSSLGWAPFRSGSADAEPGR
CRRTDGKKWRCSRDAVGDQKYCERYIKRGCHRSRKHVEGRKATPTTADPTMAVSGGSLLHSHAVAW
QQQGKSSAANVTDPFSLGSNRNLLDKQNLGDQFSVSTSMDSFDFSSSHSSFNQAKVAFSPVAMQHE
HDQLYLVHGAGSSAENVNKSQDGQLLVSRETIDDGPLGEVFKGKSCQSASADILTDHWTSTRDLRP
PTGVLQMSSSNTVPAENHTSNSSYLMARMANSQTVPTLH

SEQ ID NO: 101, Zea mays Zeama_GRF3 gi_146008368_gb_EF515842.1
sequência de ácido nucléico

TAGCCGTGCTCCGCTCACCTTCTCTCGCGCTACAGTCTCAAGGGGTAGCTAGCCAAGCTACCAAGC
TCGTCAGGAACGAGAGAAAGAGGCCGGCGGTGCGCGGGGATGATGATGATGAGCAGCGGCCGGGCG
GGCGGCGGGGCCACCGCGGGGCGGTACCCGTTCACGGCGTCGCAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAG
GCGCTCATCTACAAGTGCCTGGCGTCCGGCAAGCCCATCCCTTCCTACCTCATGCCGCCGCTCCGC
CGCATCCTCGACTCCGCCCTCGCCACGTCGCCGTCCCTCGCCTACCCGCCGCAACCCTCGCTGGGC
TGGGGCTGCTTCGGGATGGGCTTCACCCGGAAGGCCGACGAGGACCCGGAGCCCGGGCGGTGCCGG
CGCACGGACGGCAAGAAGTGGCGCTGCTCCAAGGAGGCGTACCCGGACTCCAAGTACTGCGAGAAG
CACATGCACCGGGGCAAGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAATGTCCTTGGCCACGCCGGCCCCG
GCGCCGGCCCCCGCCGCCGCCACAACCGCCACCGCCACCTCATCCCCGGCGCCGTCCTACCACCGC
CCGGCCCACGACGCCACGCCGTCTCCGTACCACGCGCTGTATGGAGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGT
AGCCCTTACTCGGCGTCGGCACGCCCAGGAGCAACCGGAGGCGGCGGCGCGTACCACCACGCGCAG
CATGTGAGCCCCTTCCACCTCCACCTCGAGACCACCCACCCGCACCCGCCGCCGCCCCTACAACTAC
TCCGCCGACCAGAGGGACTACGCGTACGGGCACGCGGCCGCCAAGGAGGTCGGCGAGCACGCCTTC
TTCTCGGACGGCGCGGGCGAGCGGGTCGACCGCCAGGCCGCGGCGGGGCAGTGGCAGTTCAGGCAG
CTCGGGGTGGAGACGAAGCCGGGCCCCACGCCGCTGTTCCCCGTCGCCGGGTACGGGCACGGCGCG
GCGTCGCCGTACGGCGTCGAGCTGGGCAAGGACGACGACGAGCAGGAGGAGAGGCGCCGCCAGCAC
TGCTTCGTTCTTGGAGCCGACCTGCGGCTGGAGCGGCCGTCGTCGGGCCATGGCCATGGCCATGGC
CATGACCATGACGACGCCGCCGCCGCGCAGAAGCCGCTCCGGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCGCAC
CAGAAGGGGGACAAGGCCGGGTCGTGGATGGGGCTCGACGGCGAGACGCAGCTCTCCATGTCCATC
CCCATGGCCGCTACCGACCTCCCCGTCACCTCCCGCTTCCGTAACGACGAGTGATGCCACATCAAA
CCTGGCGCTGGAAACTCGGAACGTATGGTG

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 102, Zea mays Zeama_GRF3
sequência de polipeptídeo traduzida

MMMMSSGRAGGGATAGRYPFTASQWQELEHQALIYKCLASGKPIPSYLMPPLRRILDSALATSPSL
AYPPQPSLGWGCFGMGFTRKADEDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSRKPV
EMSLATPAPAPAPAAATTATATSSPAPSYHRPAHDATPSPYHALYGGGGGGGSPYSASARPGATG
GGGAYHHAQHVSPFHLHLETTHPHPPPPYNYSADQRDYAYGHAAAKEVGEHAFFSDGAGERVDRQA
AAGQWQFRQLGVETKPGPTFLFPVAGYGHGAASPYGVELGKDDDEQEERRRQHCFVLGADLRLERP
SSGHGHGHGHDHDDAAAAQKPLRFFFDEWPHQKGDKAGSWMGLDGETQLSMSIPMAATDLPVTSRF
RNDE

SEQ ID NO: 103, Zea mays Zeama_GRF4 gi_146008393_gb_EF515843.1
sequência de ácido nucléico

TCCCTTCACCGCTGCCTCGACCCGCGCCGAAAGATACCTTTCCCCCCCTTCCTCTCGCGCCGCCGT
TTTGGTGCGACCATGGCGGCGGAGGGGGAGGCCAAGAACCCGTCCGGCGGTGGCGAAGGGGGTAAC
CCCCAGCACCAGCAGGCAGTGCAGGCTGCGCCGGCGGAGCCGCCAATGGCACAGGGGGAAGCGGTG
CAGGAGGCTGGAGCGCAGGCGACGGGACAAGAGCCGGAGGGGGAGAAGGCGAATCGAGATGGGGAG
GGAAGCGCGGGGGAGAAGGACGACGGCGCGTGCAGAGATCTGGTTCTGGTTGAGGATCCGGAGGTG
CTCGCCGTCGAGGACCCGGAGGAAGCTGCAGCAACCGCAGCACTCCAGGAAGAAATGAAAGCGCTC
GTGGCATCCGTCCCTGACGGTGCTGGGGCAGCATTCACAGCCATGCAGCTTCAGGAGCTAGAGCAG
CAGTCCCGGGTTTATCAGTACATGGCTGCCCGAGTACCTGTGCCTACTCACCTCGTCTTCCCCGTA
TGGAAGAGTGTAACCGGTGCATCCTCTGAAGGCGCCCAGAAGTACCCTACTTTGTTGGGCTTAGCA
ACACTCTGCTTGGACTTCGGGAAGAACCCTGAACCAGAACCAGGGAGGTGCCGGCGAACGGATGGC
AAAAAATGGCGATGTTGGAGAAACACTATTCCAAACGAGAAGTACTGCGAACGCCGCATGCATCGC
GGTCGCAAGCGTCCTGTACAGGTCGTCGAGGAAGCCGAGCCTGACTCTGCTTCAGGCTCAAAATCT
GCTCCCGGCAAGGCCACCGAAGGCGCCAAGAAGGTTGGCGACAAGAGCCCAGGTAGCAAGAAGCTT
GCCGTGGCGGCGGCAGCTGCAGCTGCTGCGCAGTCTACGTAATTGATGCAGCATTTTAGTAGTCGC
AGGAAGAGCATGGCGGCGCTGGCAACTAGCGCCTTCTTTTCATTGCATGTGATCTTTAGCTATAAC
CTCATTTAGCACACTCCCAGTGGTGTCCGTGGGAGGAG

SEQ ID NO: 104, Zea mays Zeama_GRF4
sequência de polipeptídeo traduzida

MAAEGEAKNPSGGGEGGNPQHQQAVQAAPAEFFMAQGEAVQEAGAQATGQEFEGEKANRDGEGSAG
EKDDGACRDLVLVEDFEVLAVEDPEEAAATAALQEEMKALVASVPDGAGAAFTAMQLQELEQQSRV
YQYMAARVFVPTHLVFPVWKSVTGASSEGAQKYPTLLGLATLCLDFGKNPEFEPGRCRRTDGKKWR
CNRNTIPNEKYCERRMHRGRKRPVQVVEEAEPDSASGSKSAPGKATEGAKKVGDKSPGSKKLAVAA
AAAAAAQST

SEQ ID NO: 105, Zea mays Zeama_GRF5 gi_146008412_gb_EF515844.1
sequência de ácido nucléico

CAGCCAGGTAAGGCAAAAGAGAGAGGGCGGAAGCAGCGGCAGAGCGGAGAGGGAGAGAGAAGAGCA
TATATGGGCATGGCGATGCCCTTTGCCTCCCCGTCTCCGGCAGCCGACCACCGCCCCTCCTCCCTC
CTCCCCTTCTGCCGCGCCGCCCCTCTCTCCGCGGCGGGAGAGGACGCCGCGCAGCAGCACGCGATG
AGCGGCAGGTGGGCCGCGAGGCCGGCGCTCTTCACGGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCACCAG
GCGCTCATATACAAGTACCTCGTCGCCGGCGTGCCCGTCCCGCCGGACCTCCTCCTCCCCCTGCGC
CGAGGCTTCGTCTTCCACCAGCCACCCGCCCTTGGGTACGGCCCCTACTTCGGCAAGAAGGTGGAC
CCGGAGCCCGGGCGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCCGCCCCG
GACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGCGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGCG
CAGCTCGCGCCCCCGCCGCACGCCCAGCCGCCGCAGCAGCAGCAGGCCCCCGCGCCCGCTGCTGGC

FIGURA 5 cont.

TTCCAGAACCACTCGCTGTACCCGTCGATCCTCAACGGCAACGGCGGCGGCGGGTTAGGTGCTGGT
GCTGGTGGTGGCACGTTCGGCCTGGGGCCCACCTCTCAGCTGCACATGGACAGTGCCGCTGCCTAC
GCGACTGCTGCCGGTGGAGGGAGCAAATATCTCAGGTACTCTGCATACGGGGTGAAATCTCTGTCG
GACGAGCACAGCACGCTCTTGTCGGGCGGCATGGATCCGTCGATGATGGACAACTCGTGGCGCCTT
CTGCCATCCCAAAACAACACATTCCAAGCCACAAGCTACCCTGTGTTCGGCACGCTGAGTGGGCTA
GACGAGAGCACCATCGCGTCGCTGCCGAAGACCCAGAGGGAGCCCCTCTCTTTCTTCGGGAGCGAC
TTCGTGACCGCCGCCAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGCCCTTTCTTCGACGAGTGGCCCAAGTCG
AGGGACTCGTGGCCGGAGCTGGGCGAGGACGGCAGCCTCGGCTTCTCGGCCACCCAGCTCTCCATC
TCCATTCCCATGGCGACCTCCGACTTCTCCAACACCAGCTCCAGATCGCCGGGTGGAATACCGTCG
AGATGAACGAGTACCGTGCATGTGGATCCCAGCGTCTTAGGGTTGACGACTCTTCGGTGCTGGCCT
CATCGTATCATGCTCCTAAATTTTCGAACGATATATGCCTTATGTAACGCTATTTCTCTCATTGTT
ACAACACCCTTTACCCGTTTGGAATTGTGTTGAAGTGGATGGTCTGCGTTGCTC

SEQ ID NO: 106, Zea mays Zeama_GRF5
sequência de polipeptídeo traduzida

MGMAMPFASPSPAADHRPSSLLPFCRAAPLSAAGEDAAQQHAMSGRWAARPALFTAAQYEELEHQA
LIYKYLVAGVPVPPDLLLPLRRGFVFHQPPALGYGPYFGKKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAAPD
SKYCERHMHRGRNRSRKPVEAQLAPPPHAQPPQQQAPAPAAGFQNHSLYPSILNGNGGGGLGAGA
GGGTFGLGPTSQLHMDSAAAYATAAGGGSKYLRYSAYGVKSLSDEHSTLLSGGMDPSMMDNSWRLL
PSQNNTFQATSYPVFGTLSGLDESTIASLPKTQREPLSFFGSDFVTAAKQENQTLRPFFDEWPKSR
DSWPELGEDGSLGFSATQLSISIPMATSDFSNTSSRSPGGIPSR

SEQ ID NO: 107, Zea mays Zeama_GRF6 gi_146008429_gb_EF515845.1
sequência de ácido nucléico

GATATATGGCGATGCCCTTTGCCTCCCTGTCTCCGGCAGCCGACCACCGCCCCTCCTCCCTCCTCC
CCTACTGCCGCGCCGCCCCTCTCTCCGCGGTGGGAGAGGACGCCGCCGCGCAGGCGCAGCAGCAGC
AGCAGCAGCACGCTATGAGCGGCAGGTGGGCAGCGAGGCCGCCGGCGCTCTTCACAGCGGCGCAGT
ACGAGGAGCTGGAGCACCAGGCGCTCATATACAAGTACCTCGTCGCCGGCGTGCCCGTCCCGCCGG
ACCTCCTCCTCCCCCTACGCCGAGGCTTCGTCTACCACCAACCCGCCCTTGGGTACGGGCCCTACT
TCGGCAAGAAGGTGGACCCGGAGCCCGGGCGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCT
CCAAGGAGGCCGCCCCGGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGCGGCCGCAACCGTTCAA
GAAAGCCTGTGGAAGCGCAGCTCGTGCCCCCGCCGCACGCCCAGCCGCAGCAGCAGGCCCCCGCGC
CCACCGCTGGCTTCCAGAGCCACCCCATGTACCCATCCATCCTCGCCGGCAACGGCGGCGGCGGCG
GCGGGGTAGGTGGCGGTGCTGGCGGTGGCACGTTCGGCCTGGGCCCCACCTCTCAGCTGCGCATGG
ACAGTGCCGCTGCTTACGCGACTGCTGCTGATGGAGGGAGCAAAGATCTCAGGTACTCTGCCTACG
GGGTGAAGTCACTGTCGGACGAGCACAGCCAGCTCTTGCCCGGCGGCGGCGGCGGCATGGACGCGT
CAATGGACAACTCGTGGCGCCTGTTGCCGTCCCAAACCGCCGCCACGTTCCAAGCCACAAGCTACC
CTCTGTTCGGCGCGCTGAGCGGTCTGGACGAGAGCACCATCGCCTCGCTGCCCAAGACGCAGAGGG
AGCCCCTCTCCTTCTTCGGGAGCGACTTCGTGACCCCGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGCCCCT
TCTTCGACGAGTGGCCCAAGTCGAGGGACTCGTGGCCGGAGCTGAACGAGGACAACAGCCTCGGCT
CCTCGGCCACCCAGCTCTCCACCTCCATCCCCATGGCGCCCTCCGACTTCAACACCAGCTCCAGAT
CGCCGAATGGAATACCGTCAAGATGAACCTGAGTAACCATGCGGACCCCA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 108, Zea mays Zeama_GRF6
sequência de polipeptídeo traduzida

MAMPFASLSPAADHRPSSLLPYCRAAPLSAVGEDAAAQAQQQQQQHAMSGRWAARPPALFTAAQYE
ELEHQALIYKYLVAGVFVPPDLLLFLRRGFVYHQFALGYGPYFGKKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSK
EAAPDSKYCERHMHRGRNRSRKPVEAQLVPPPHAQPQQQAPAPTAGFQSHPMYPSILAGNGGGGGG
VGGGAGGGTFGLGPTSQLRMDSAAAYATAADGGSKDLRYSAYGVKSLSDEHSQLLPGGGGGMDASM
DNSWRLLPSQTAATFQATSYPLFGALSGLDESTIASLPKTQREPLSFFGSDFVTPKQENQTLRPFF
DEWPKSRDSWPELNEDNSLGSSATQLSTSIPMAPSDFNTSSRSPNGIPSR

SEQ ID NO: 109, Zea mays Zeama_GRF7 gi_146008440_gb_EF515846.1
sequência de ácido nucléico

AGCGTGCATTGTTGAGCGAGTGCGGCCAAGCAACGCGGGCTCGAGGAGATGATGCTGAGCGGGCAC
GGCGGCGGGAGGCGCCTGTTCACGGCGTCGCAGTGGCAGGAGCTCGAGCACCAGGCGCTCATCTTC
AAGTACATGGCCTCGGGCGCGCCCGTGCCGCACGACCTCGTCCTACCGCTCCGCCTCGCCACCGGC
GTCGACACCGCGCCCTCCCTCGCCTTCCCGCCCCAGCCTTCGCCGTCGCTGGCGTACTGGGGCTGC
TACGGCGCGGGGGGCGCCGTTCGTCGGCCGCAAGGCGGCGGAGGACACGGAGCCGGGGCGGTGCCGG
CGGACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAGGGAGGCCCACGGCGACTCCAAGTACTGCGAGAAG
CACATTCACCGCGGGAAGAGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTGACCTCCTCCCCCGCCGCCGGC
GCCGCTGCGGCGTACCGACCGTCCGCGATCTCCACCATCTCGCCGCCCCGCGCGGCCGACGCGCCG
CCGCCGAGCCTCGCCTACCCGCAGCAGCATCTCCTCCACGGCGCCTCCTCCTCCGCAGCAGCCCGC
GCCCCCGCTGGCGCTCTCCAGCTCCACCTCGACGCGAGCCTGCACGCGGCGGCGGCGTCGCCATCG
CCGCCGCCGTCCTACCACAGGTACGCCCACTACACACCGCCAGCGTCGTCGCTCTTCCCGGGCGGC
GGCTACGGCTACGACTACGACTACGGGCAGTCCAAGGAGCTCAGGCGACGGCACTTCCACGCGCTC
GGGGCCGACCTGAGCCTCGACAAGCCGCTGCCCGAGCCCGACACCGGCTCCGACGAGAAGCAGCCC
CTGCGGCGTTTCTTCGACGAGTGGCCGCGGGAGAGCGGCGACATGGCGGCGGACGACGCGACGCAG
CTTTCCATCTCCATCCCCGCGGCTTCGCCCTCCGACCTCGCTGCTACCTCCGCCTCCGCCGCCGCC
GCGCGATTCCACAACGGGGAGTGATCGGTCCATCTCCTAGCTGCAGCCCTGCAACAGCGTGGATTG
ACCGCTGCATTTCCTGGCTGCAATGCAAGCCTGCAACAGCGAGCAGTAAGCCAGTGACGTGGATGC
ATCTCGTAGCGGCAAACCCTGCTTCTGCCTCT

SEQ ID NO: 110, Zea mays Zeama_GRF7
sequência de polipeptídeo traduzida

MMLSGHGGGRRLFTASQWQELEHQALIFKYMASGAPVPHDLVLPLRLATGVDTAPSLAFPPQPSPS
LAYWGCYGAGAPFVGRKAAEDTEPGRCRRTDGKKWRCSREAHGDSKYCEKHIHRGKSRSRKPVEVT
SSPAAGAAAAYRPSAISTISPFRAADAPPPSLAYPQQHLLHGASSSAAARAPAGALQLHLDASLHA
AAASPSPPPSYHRYAHYTPPASSLFPGGGYGYDYDYGQSKELRRRHFHALGADLSLDKPLPEPDTG
SDEKQPLRRFFDEWPRESGDMAADDATQLSISIPAASPSDLAATSASAAAARFHNGE

SEQ ID NO: 111, Zea mays Zeama_GRF8 gi_146008461_gb_EF515847.1
sequência de ácido nucléico

TTCGGCACGACCCAACAATGCACACCAACATCCACTCCCTCGTCAGGCTCCTCTCCCCCAAATGAG
CGCTGAGTTCTGCGCTGCTGCGGGTGTCGTGGCCATGGAGCTCGGGGTCGGAGATGCGCTGGGGCT
GCAGCAAGGCATCGCAATCACCGCGCCATCGCCCAGGGACAGCGACCTGGGTCTTCTCAAGCGAGC
AGGCCTCACCCAGGCTGCGGCTGCTGCCCCCTACCCCTCCCCCTTCCTTGACGGGGAGAAGATGCT
CAGGTTCTCCAAGGCGGCTCACACATCGCACTCAGGCTTGGATTTTGGAGGCCCAGGTGAGCAGGC
TTTCCTGCTGTCCAGGACCAAGATGCCATTTACTCCCTCGCAGTGGATGGAGCTGGGGCACCAGGC
TCTGATATACAAGTACCTCAATGCAAAGGCCCCCATACCTTCCAGCCTGCTCATTTCAATCAGCAA
GAGCTTCAGATCATCCAATAGAGTGAGCTGGAGGCCTCTGTATCAAGGCTACACAAATGCAGACTC

FIGURA 5 cont.

TGACCCAGAACCTGGGAGATGCCGACGAACGGATGGAAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAAGCAAT
GGCTGATCACAAGTACTGTGAGCGGCACATCAACAGAAACCGTCACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGA
AAATCAACCTAAGAAGACCACCAAGGAGGTGCCTGCTGCTGCTGGCTCATTACCATGTGCTGGGCC
ACAAGGTAGCTTGAAGAAGGCAAAAGTTAATGACTCCAAGCCAGGCACTGTCAGCTATTGGGCAGA
TAGTTTAAACAGGACAATGTTGAGCAGAGAGAAAGCAAACAAACCGACGGAAGATAGCTCTTTGCT
GCTTACTTCTACGAACAGCCAACCCACCTGGTCCCTGCTCTCTCAGCTGAAGCAGCAAAACAAACC
AGATAAGTTAGGCCCCACACTGGAAAATGAGTCAAACCCAGACACAATATTGAAAGCCTGGGGTGG
CAACCAGCCTAGCCACAAGAGCATTTCCTCTACAGAGCGCCATGATGCTGAATCCCTCCAATCAGT
CCTTCAAAATCTCAGCCTAGCCCAGAATGAGAAGATGGAGTCAGAAAAGGACAAATATTCTGATTC
CGTGCTAGTTTCGTCGACTTTCTATTCTGCAGGCGGTCCAAGAGCTACCTGCCTTACACCTAACAT
GACACAGGTGAAGCAGGATTGCATATCAAGCTCTTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCTAGGCGA
AATCTTAACGAACTCCAAGAATAGCAAGGACTTAAGCAAGTGCAAACCAAGGTCATATGGTTGGTT
GTTGAATCTTGACCATGCACCATGATTCCTCAATCCATGAAGAGCTTGACATAGATGTCCCATCAT
GTAGGCAAACAATGGTCAGAAAAAGGTTATGACCACATTGCTTGCCCCATGCATGCTTGCTATCTA
CATTTGTATTTCTGTTGCGTAGCATTTAGCTAGTTGAATTATCAGTTCTTCTGGATACGGCTGT

SEQ ID NO: 112, Zea mays Zeama_GRF8
sequência de polipeptídeo traduzida

MSAEFCAAAGVVAMELGVGDALGLQQGIAITAPSPRDSDLGLLKRAGLTQAAAAAPYPSPFLDGEK
MLRFSKAAHTSHSGLDFGGPGEQAFLLSRTKMPFTPSQWMELGHQALIYKYLNAKAPIPSSLLISI
SKSFRSSNRVSWRFLYQGYTNADSDPEPGPCRRTDGKKWRCSKEAMADHKYCERHINRNRHRSRKP
VENQPKKTTKEVPAAAGSLPCAGPQGSLKKAKVNDSKPGTVSYWADSLNRTMLSREKANKPTEDSS
LLLTSTNSQPTWSLLSQLKQQNKPDKLGPTLENESNPDTILKAWGGNQPSHKSISSTERHDAESLQ
SVLQNLSLAQNEKMESEKDKYSDSVLVSSTFYSAGGPRATCLTPNMTQVKQDCISSSWEMPQGGPL
GEILTNSKNSKDLSKCKPRSYGWLLNLDHAP

SEQ ID NO: 113, Zea mays Zeama_GRF9 gi_146008475_gb_EF515848.1
sequência de ácido nucléico

GTAGGTCGTTCGCAGGTAGGTAACCGTAACCTAGCTAGCTCGTCGGGATGATGATGATGAGCGGTC
GAGCGGCCACCGCGGGGCGGTACCCGTTCACGGCGTCGCAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAGGCGC
TCATCTACAAGTGCCTGGCGTCCGGCAAGCCCATCCCGTCCTACCTCATGCCACCGCTCCGCCGCA
TCCTCGACTCCGCCCTCGCCACGTCGCCGTCGCTCGCCGCCTTCCAGCCGCAACCCTCGCTGGGGT
GGGGGGGCTGCTTCGGGATGGGCTTCAGCAGGAAGCCCGCCGACGAGGACCCGGAGCCCGGGCGGT
GCCGGCGCACGGACGGCAAGAAGTGGCGCTGCTCCAAGGAGGCGTACCCGGACTCCAAGTACTGCG
AGAAGCACATGCACCGGGGCAAGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAATGTCCTTGGCCACGCCGG
CGCCGCCGGCCTCCTCCGCTGCCACCACCTCGACGTCCCCGGCGCCGTCCTACCACCGCCCGGCCC
CCGCCGCGCACGACGCCGTGCCGTACCACGCGCCCTACGGCGCCGCGTACCATCACACGCAGACGC
AGGTGATGAGCCCCTTCCACCTCCACCTCGAGACCACCCACCCGCACCCGCCGCCGCCGCCGCCCT
ACTACTACGCGGACCAGAGGGACTACGCCTACGGCAAGGAGGTCGGCGAGCGCGCCTTCTTCTCCG
ACGGCGCGGGGGAGAGGGACCGCCAGCAGCAGGCCGCGGGGCAGTGGCAGTTCAAGCAGCTCGGGA
CGATGGAGGCGACGAAGCCGTGCCCCACCCCCACGCCGCTGCTCCCCGCCGCCGGGTACGGCGTCG
GTCAGGCCAAGGAAGACGAGGAGGAGGAAACGCGGCGGCAGCAGCAGCAGCACTGCTTCGTTCTTG
GCGCCGACCTGCGGCTGGCGGAGCGGCCGTCGGGGGCACATGACGACGCCGCGCAGAAGCCGCTCC
GGCATTTCTTCGACGAGTGGCCGCACGAGAAAGGGAGCAAGGCGGGGTGGTGGATTGGGGGACTCG
ACGGCGAGACGACGCAGCTCTCCATGTCCATCCCGATGGCGGCCGCTGCCGACCTCCCCGTCACCT
CCCGCTACCGTACGTGA

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 114, Zea mays Zeama_GRF9
sequência de polipeptídeo traduzida

MMMMSGRAATAGRYPFTASQWQELEHQALIYKCLASGKPIPSYLMPPLRRILDSALATSPSLAAFQ
FQPSLGWGGCFGMGFSRKPADEDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSRKPVE
MSLATPAPPASSAATTSTSPAPSYHRPAPAAHDAVPYHAPYGAAYHHTQTQVMSPFHLHLETTHPH
PPPPPPYYYADQRDYAYGKEVGERAFFSDGAGERDRQQQAAGQWQFKQLGTMEATKPCPTPTPLLP
AAGYGVGQAKEDEEEETRRQQQQHCFVLGADLRLAERPSGAHDDAAQKPLRHFFDEWPHEKGSKAG
WWIGGLDGETTQLSMSIPMAAAADLPVTSRYRT

SEQ ID NO: 115, domínio QLQ
RPPFTPTQWEELEHQALIYKYMVSGVPVPPELIFSIRRS

SEQ ID NO: 116, domínio WRC
DPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKHMHRGRNRARKSLD

SEQ ID NO: 117, Oryza sativa GOS2 promotor
AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGT
CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGT
ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
TTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTAC
GGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
AAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA
AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
TTCACCAGCAAAGTTC

FIGURA 5 cont.

SEQ ID NO: 118, prm10010
GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGATGAGTCTAAGTGGAAGTAG

SEQ ID NO: 119, prm10011
GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTAGCTCTACTTAATTAGCTACCAG

FIGURA 5 cont.

MS**GVWVF**KNGVVRLVEKQQATAGTAVAGGRRKALVHTPSGQVVS
1

SYAALEARLTA**LGWERYY**EDPSLFQFHKRGSL**DLISLPADF**SAF
2 3

SSV**HMYDIVVKNR**DSFRVVDA
4

FIGURA 6

```
gi|115446015|ref|NP_001046787.  ~~~
```

```
gi|115446015|ref|NP_001046787.  KVLVHTVPSGEVVASYEVLERRLRELGWERYLTD----------PCLLQFHQR 77
gi|115457536|ref|NP_001052368.  KVLVHVPSSEVVTSYEVLERRLRELGWERYLND----------PCLLQFHQR 75
gi|40949983|gb|AAR97604.1|      KVLVHVPSNEVITSYAVLERKLRSLGWERYYDD----------LDLLQYHKR 66
gi|115435746|ref|NP_001042631.  KALVHTTSGQVVSSYAAIEARLTALGWERYYED----------PSLFQFHKR 73
gi|115442049|ref|NP_001045304.  KALLHMPTGEVVTSYASLERKLAALGWERYYSGGGGAAAAAMMLQFHKR 91
gi|42573333|ref|NP_974763.1|    NVLVYLPTGEAVSSYSSLEQILRSLGWERYFSG----------DSDLIQYHKR 75
gi|15238633|ref|NP_197868.1|    KVMVYLPTGEVVSSYSTLEQILQSLGWERYFGG----------DTDLLQFHKR 73
gi|79492649|ref|NP_194866.2|    KILVHLPSSEVVSSYGSLEKILKNLGWERYYSGIM----------TDHLLQFHKR 145
gi|147846612|emb|CAN81644.1|    RLLVYLPENQVIRSYTELEQRLNQLGWSRYHNYQH----------PSLVQFHKS 86
gi|115473993|ref|NP_001060595.  KALVHVATSEVIRSTEALERRLGALGWERYYED----------RATLQLHRR 66
gi|115452981|ref|NP_001050091.  ----------MGSLQALERRLAGLGWERYYED----------RAVVQLHRR 31
                                                ;  *   **  *  *  ***.**      .  * .:
gi|115446015|ref|NP_001046787.  -STVHLISVPRDFSKFKLVHMYIDIVVKTRNVFEVRDAAAPAVSPAT---- 122
gi|115457536|ref|NP_001052368.  -STVHLISVPRDFSRLKLVHMYDYVVVKTRNVFEVRDAATTASPP------ 118
gi|40949983|gb|AAR97604.1|      -STVHLISLEKDFNKLKTMHMYDTVVKNRNEFEVRDI---------------- 102
gi|115435746|ref|NP_001042631.  -GSLDLISLPADFSASSSVHMYDTVVKNRDSFRVVDA---------------- 109
gi|115442049|ref|NP_001045304.  -SSVDLISLEKDFSQFGSVHMYDTVVKNRDAFRVIDV---------------- 127
gi|42573333|ref|NP_974763.1|    -SSIDLISLPRDFSKFNSVYMYIDIVVKNPNSFHVRDFN--------------- 112
gi|15238633|ref|NP_197868.1|    -SSIDLISLERDFTKFNSVYMYDIVVKNPNYFHVRDSH--------------- 110
gi|79492649|ref|NP_194866.2|    -TSIDLISLERDFSKFNSIHMYDTVVKNPNVFEVRDM---------------- 181
gi|147846612|emb|CAN81644.1|    DMSSHLISLPKSFANFKSFHFYDTVVKNRSFTEVREA---------------- 123
gi|115473993|ref|NP_001060595.  DGSADLISIPRDFSRFRSTHMYDVVVKNRDHFKVDVMEKN------------- 106
gi|115452981|ref|NP_001050091.  DGGADLISLERDFARFRSTHMYDVVLKNRDHFKGGSAEERAWLARLSAAS 81
                                  .*:*:* .*  :   ::**:*:*. .  *.
```

FIGURA 7 cont.

```
gi|115446015|ref|NP_001049787.  ----------
gi|113457536|ref|NP_001052368.  ----------
gi|40949983|gb|AAR97604.1|      ----------
gi|115435746|ref|NP_001042631.  ----------
gi|115442049|ref|NP_001045304.  ----------
gi|42573333|ref|NP_974763.1|    ----------
gi|152286633|ref|NP_197868.1|   ----------
gi|79492649|ref|NP_194866.2|    ----------
gi|147846612|emb|CAN81644.1|    ----------
gi|115473993|ref|NP_001060595. ----------
gi|115452981|ref|NP_001050091. TAAGGGPGCGGAKDRSGSRW 101
```

FIGURA 7 cont.

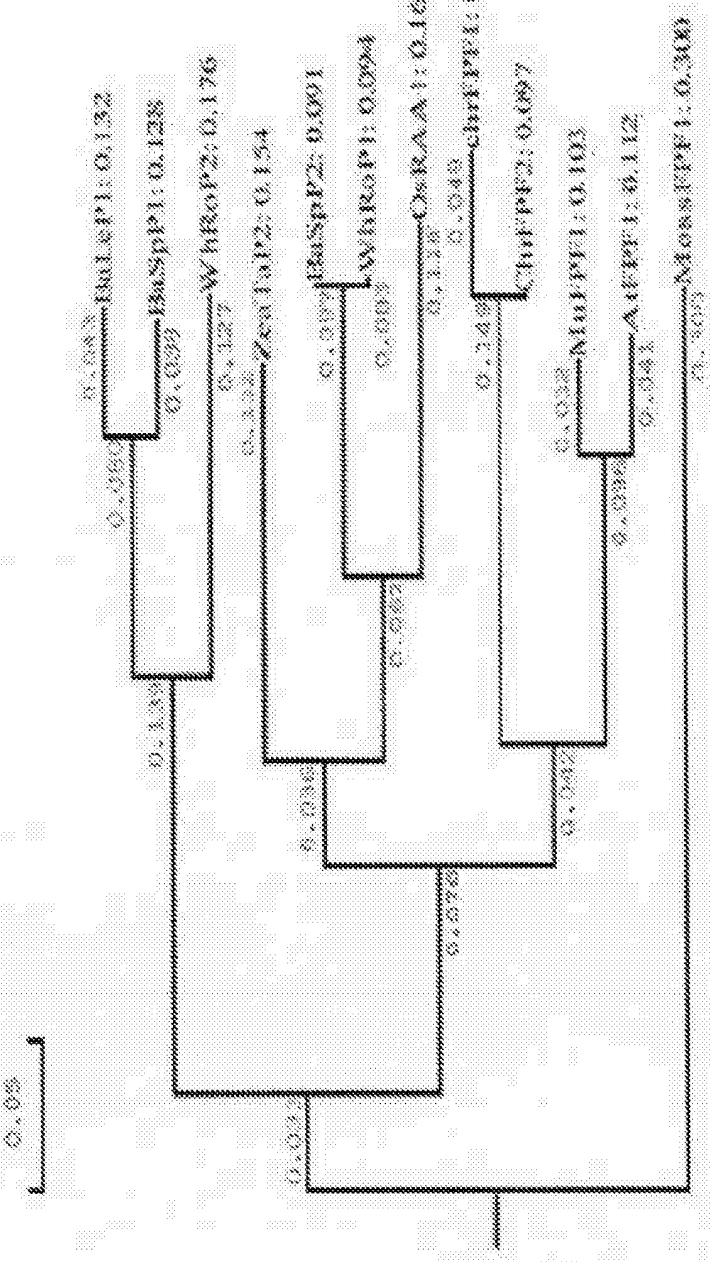

0,05
MgasPPP1:0,300
AtPP1:0,112
MtPP1:0,103
TtPP2:0,097
CsRAA1:0,160
PpaPP2:0,091
ZmPP2:0,154
WhPP2:0,179
BnPP1:0,132

FIGURA 8

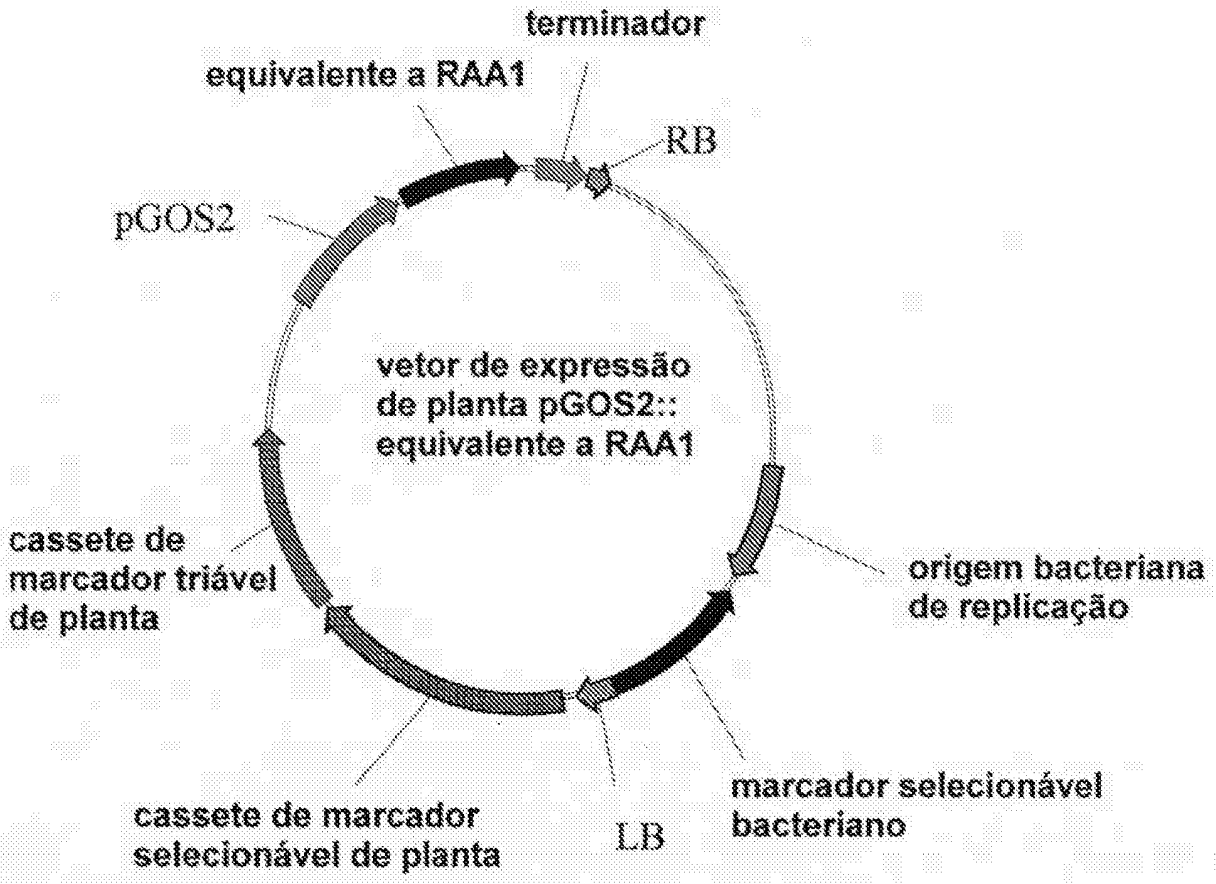

terminador
equivalente a RAA1
RB
pGOS2
vetor de expressão
de planta pGOS2::
equivalente a RAA1
cassete de
marcador triável
de planta
origem bacteriana
de replicação
marcador selecionável
bacteriano
LB
cassete de marcador
selecionável de planta

FIGURA 9

SEQ ID NO: 120, NM_001049166.1 Oryza sativa (grupo do cultivar japonica) Os01g0257300 (Os01g0257300) mRNA de equivalente a RAA1, cds completo

TCCATCCACCCATAGCTATCTCTAGCTAGCTTGCACATTCTTCATTCTTCTTGCAATCAGAGCTAG
AGAAAAAGAGTTTGAGAGAGATCTAAGAGATGTCAGGGGTTTGGGTGTTCAAGAACGGGGTGGTGA
GATTGGTGGAGAAGCAGCAGGCGACGGCGGGGACGGCGGTGGCGGGAGGGAGGAGGAAGGCGCTGG
TGCACACGCCGAGCGGGCAGGTGGTGTCGTCGTACGCGGCGCTGGAGGCGCGGCTGACGGCGCTCG
GGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCCCTCCCTCTTCCAGTTCCACAAGCGTGGCTCCCTCGACCTCA
TCTCCCTCCCCCGCCGACTTCTCCGCCTTCTCCTCCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGAACC
GCGACTCCTTCCGCGTCGTCGACGCCTAAATTGACCTATGTATAGGCTCGCATGCATGCAAGGTAG
ACGACCATCCACCTTGCATGCATGCAGGCTATCATTCTCTCTTCGTCTCCGTCTTCGTCTTTCATC
TTTGTTGTGGTGTGTGTGAATTTATTATACTTCTTATGACTGTGTGTGTGACTGTGTGAGAGTTCA
TGGAGAGTGATGAGTAGTGGTATACATATGTGTCGTCGCTGATCGATTTGGTTTATTACCTTGTGG
GTGGGTATTAATTATCAGCAGTGTGTTATATCAATTGCTTACTTGTATGTGTATCATGTACATGAG
TGAGTGTGGCTGATGCATATATATAGAGGTCTTTAATAATTATGTACTATATATTTGTG

SEQ ID NO: 121, Q9LGE3_ORYSJ_FPF1 equivalente a proteína (proteína não caracterizada putativa (proteína Os07g0671000) (RAA1). [Oryza sativa substância japonica]

MSGVWVFKNGVVRLVEKQQATAGTAVAGGRRKALVHTPSGQVVSSYAALEARLTALGWERYYEDPS
LFQFHKRGSLDLISLPADFSAFSSVHMYDIVVKNRDSFRVVDA

SEQ ID NO: 122, prm09129 (attB1)

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGTCAGGGGTTTGGGTG

SEQ ID NO: 123, prm09988 (attB2)

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTGTCGCATAGGTCAATTTAGG

SEQ ID NO: 124, PRO0129

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGT
CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGT

FIGURA 10

ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
TTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTAC
GGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
AAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA
AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
TTCACCAGCAAAGTTC

SEQ ID NO: 125, PRO0170

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGGCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCC

SEQ ID NO:126, NM 001067130.1 Oryza sativa (grupo do cultivar japonica) Os07g0671000 (Os07g0671000) mRNA, RAA1, cds completo

ATGGCGGGAGGAGGGGGTGTGGGTGTTCAGGAACAACGGGGTGATGGAGCTGGAGGAGCAGGCGACG
AGCAGGAAGGCGCTGGTGCATGTGGCGACGAGCGAGGTGATCCGGTCGACGGAGGCGCTGGAGCGG
AGGCTGGGGGCGCTGGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCGCGCCACCCTGCAGCTCCACAGGCGC
GACGGCAGCGCCGACCTCATCTCCATCCCCCGCGACTTCTCCCGCTTCCGCTCCACCCACATGTAC
GACGTCGTCGTCAAGAACCGCGACCACTTCAAGGTTGATGTGATGGAAAAGAACTGA

SEQ ID NO: 127, Q8H475_ORYSJ_Putative proteína não caracterizada P0470D12.115 (Os07g0671000 protein). [Oryza sativa substância japonica]

MAGGGVWVFRNNGVMELEEQATSRKALVHVATSEVIRSTEALERRLGALGWERYYEDRATLQLHRR
DGSADLISIPRDFSRFRSTHMYDVVVKNRDHFKVDVMEKN

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 128, CM000144.1:27283532..27283849, OsJ 024523, proteína hipotética, similar à sequência de RNA, EST similar a Arabidopsis

ATGGCGGGAGGAGGGGTGTGGGTGTTCAGGAACAACGGGGTGATGGAGCTGGAGGAGCAGGCGACG
AGCAGGAAGGCGCTGGTGCATGTGGCGACGAGCGAGGTGATCCGGTCGACGGAGGCGCTGGAGCGG
AGGCTGGGGGCGCTGGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCGCGCCACCCTGCAGCTCCACAGGCGC
GACGGCAGCGCCGACCTCATCTCCATCCCCCGCGACTTCTCCCGCTTCCGCTCCACCCACATGTAC
GACGTCGTCGTCAAGAACCGCGACCACTTCAAGGTCGTCGACCTCCACACCTAG

SEQ ID NO: 129, A3BNA1_ORYSJ_proteína não caracterizada putativa [Oryza sativa substância japonica]
MAGGGVWVFRNNGVMELEEQATSRKALVHVATSEVIRSTEALERRLGALGWERYYEDRATLQLHRR
DGSADLISIFRDFSRFRSTHMYDVVVKNRDHFKVVDLHT

SEQ ID NO: 130, NM_122395.4 Arabidopsis thaliana FPF1 (Fator promotor de florescimento 1) (FPF1) mRNA, RAA1, cds completo
AAATCATTCAAGAAACCAAAACTAAGGAGAGGAAGAAGAAGATCATGTCAGGCGTGTGGGTCTTCA
AGAACGGAGTGATAAGACTTGTGGAGAACCCTAACCAGTCAGGATCCGACACACAGAACCGAAGGA
AAGTGATGGTCTATTTACCGACAGGAGAAGTGGTCTCATCTTACTCGACGCTCGAGCAGATCCTCC
AGAGTCTTGGATGGGAGAGATACTTTGGCGGCGGCGACACAGATCTCCTCCAATTCCACAAACGCT
CCTCCATTGATCTCATTTCCCTGCCTAGAGATTTCACCAAATTCAACTCCGTTTACATGTACGATA
TCGTCGTCAAGAACCCTAATTACTTCCATGTCCGAGACTCCCATTGATTCTTCTTTTGTGTGTTGG
TGTGTGTGTTGTGTTCGGTTGTTTTATAATTTAGAGTTTGTTGGGTTTTGTTTTATAGTTGCATGT
GCATGTTTTATTTGTTTTGGACGTTGGAAGTTGTGTTACGTAATTCTGGTTTGATGAAAGTTGAGA
TTAAGAAGGGACATGAATTAGGGAGAACTCAATTTCAAAATTAATTGTTCTCTTCCTTAGCATGAT
TGTTCTCTTCACTGGTTGTAATTGAAAGATATTCTCTTTGGCTCAGTGGATCCAAATTGTTTTCTA
TCTTCTATTTAA

SEQ ID NO: 131, O23624_ARATH_FPF1 proteína (At5g24860). [Arabidopsis thaliana]
MSGVWVFKNGVIRLVENPNQSGSDTQNRRKVMVYLPTGEVVSSYSTLEQILQSLGWERYFGGGDTD
LLQFHKRSSIDLISLPRDFTKFNSVYMYDIVVKNPNYFHVRDSH

SEQ ID NO: 132, NM 001051839.1 Oryza sativa (grupo do cultivar japonica) Os01g0933500 (Os01g0933500) mRNA, RAA1, cds completo
CGAAGGGAGGATCGAGGAATTCAGTTAAGCAAAAATATTTATACATGTCGGGCGTGTGGGTGTTCC
GGAACGGGGTGGTGAAGCTGGTGGAGAACCCGCCGGCGTCGGCGAACAGCGGCGGCGGCGGCGGCG
GCGGCGGCGGCGGTGGCGGCGGCGGCATCCGGCGCAAGGCGCTGCTGCACATGCCGACGGGTGAGG
TGGTCACCTCCTACGCCTCCCTGGAGCGCAAGCTCGCCGCGCTCGGCTGGGAGCGCTACTACTCCG
GCGGCGGCGGCGCCGCCGCCGCCGCCGCCATGATGCTCCAGTTCCACAAGCGCTCGTCGGTGGACC
TGATCTCGCTGCCCAAGGACTTCTCCCAGTTCGGCTCCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGA
ACCGCGACGCCTTCCGAGTCATCGACGTCTAATCACCCAAGTGTCT

SEQ ID NO: 133, Q8LR63_ORYSJ_FPF1 similar de proteína (Os01g0933500 proteína) (Proteína de gravidade e desenvolvimento de raiz). [Oryza sativa substância japonica]
MSGVWVFRNGVVKLVENPPASANSGGGGGGGGGGGGGGIRRKALLHMPTGEVVTSYASLERKLAAL
GWERYYSGGGGAAAAAAMMLQFHKRSSVDLISLPKDFSQFGSVHMYDIVVKNRDAFRVIDV

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 134, CAB89380, F12B17_20, equivalente à proteína FPF1, forte similaridade com a proteína FPF1 Arabidopsis thaliana, EMBL:ATFPF1

ATGTCAGGAGTTTGGGTGTTCAATAACGGAGTGATACGTCTAGTGGAGAACCCGAACCAGTCCGGT
GGAGTTTCCACACAGTCGCACGGCCGGAGAAATGTCTTGGTTTACTTGCCGACCGGTGAAGCCGTC
TCATCTTACTCGTCGCTCGAACAAATCCTAAGGAGCCTCGGGTGGGAAAGATACTTCAGTGGAGAC
TCCGATCTCATCCAGTACCACAAACGCTCCTCCATCGACCTCATCTCCTTACCAAGAGACTTCTCC
AAGTTCAACTCCGTTTACATGTACGACATCGTTGTCAAGAACCCTAATTCCTTCCACGTCCGCGAT
TTCAATTGA

SEQ ID NO: 135, Q9LXB5_ARATH_FPF1 equivalente-proteina(At5g10630). [Arabidopsis thaliana]

MSGVWVFNNGVIRLVENPNQSGGVSTQSHGRRNVLVYLPTGEAVSSYSSLEQILRSLGWERYFSGD
SDLIQYHKRSSIDLISLPRDFSKFNSVYMYDIVVKNPNSFHVRDFN

SEQ ID NO: 136, AY924826.1:1..546, At4g31380, proteína hipotética , Arabidopsis thaliana

ATGATAATCTACTTGTCAGTCTACACACCCCTTTACCAACATATATATATATATAGCACACACT
CTACACGGTTTCCTTATCCTCATCAAAATTAACAAACTCATTTTTGAATACCCAAAAAAAAACCTA
GCTAGCTCGAATTTTTTTAAATATATAATAACATCAACAATGTCTGGTGTGTGGGTATTCAACAAA
AACGGAGTCATGAGGCTGGTGGAGAATCCTTACAACCAATCCGCCGGAGATTCGTCGGAATCGTCC
TCTTCCGGTGGTAACCAGCAGCAGAGGATGAGGAGGAAAATTCTCGTCCATCTTCCAAGCAGCGAG
GTTGTGTCTTCGTACGGATCACTTGAGAAGATCTTGAAGAATCTTGGGTGGGAGAGGTACTACAGT
GGAGACAATACCGATCATCTGCTCCAGTTCCACAAGAGAACTTCGATCGATCTCATCTCTCTCCCT
CGTGACTTCTCCAAGTTTAACTCTATTCACATGTATGATATCGTCGTCAAGAACCCTAACGTCTTC
CATGTCCGTGACATGTAG

SEQ ID NO: 137, Q5Q0B3_ARATH_Putative proteína não caracterizada. [Arabidopsis thaliana]

MIIYLSVYTPLYQHIYIYIAHTLHGFLILIKINKLIFEYPKKNLASSNFFKYIITSTMSGVWVFNK
NGVMRLVENPYNQSAGDSSESSSSGGNQQQRMFRKILVHLPSSEVVSSYGSLEKILKNLGWERYYS
GDNTDHLLQFHKRTSIDLISLPRDFSKFNSIHMYDIVVKNPNVFHVRDM

SEQ ID NO:138 TC301416 Orvza sativa (grupo do cultivar japonica)cDNA clone:J013034O10, sequência de inserto completo

GGCACCACCACCATTGCTGAGCTCCAAAGCTTCTAGCTGTGATCAAGCAAAGAAGAATTGAAAAAA
AACATATATATATTATATATATGGCAGGGGTGTGGGTGTTTGAGGATGGGATGGTGAGGAGGGCAG
ATAGCGAGGCGCCGTCGAGAGGGCGCGGTGTCGGTGGTGGAGGTGGGGGAGGGAAGGTGCTTGTGC
ACGTGCCGAGCAGCGAGGTGGTGACGAGCTACGAGGTTCTGGAGAGGCGGCTGCGGGAGCTCGGGT
GGGAGAGGTACCTCAACGACCCGTGCCTCCTCCAGTTCCACCAGCGCTCCACCGTCCACCTCATCT
CCGTGCCCCGCGACTTCTCCCGCCTCAAGCTCGTCCACATGTACGACGTCGTCGTCAAGACCCGCA
ACGTCTTCGAGGTCCGTGACGCCGCCACCACTGCTTCCCCGCCATGATCGCATCGATGTCTATGCT
TTGATCATCATCGATATGACCTTCCTCGACTCCGGGCTCAGGCCAGACACGCCGCCATGGCGCCTA
CAATCGTATGTGTGTATTGTATGAATCTCAATTCAGGTAATGAATGATTGTATATCATATGATTTG
TAATTCTGTACAGGTATAACGTATGCGTATATACGTACGTGTGCGATCGATCGGGTGTGTGTGATA
TATATTAAAATAAGCGTGGCTGGTTTAATTGCAAGTGAGTGTTTAGTTATTTAATTATACGAGAGC
CATGAGCACGTGTGTAGCTAGCTTTGGAGTCTTGTACTTTGTGGTTTGGAGCCATTGCTTGACTGA
TTCCGTGGCACGAATCAATCATCCATGCGTTATGCAGTGACAATAAATAATTAGTTTTGTCACAAT
TAATTAATAGTATGTTGTTTGCTGTATTGATTAAAAAACAA

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO:139 Q7XX25_ORYSJ_OSJNBa0071G03.4 proteína (proteína não caracterizada putativa)[Oryza sativa substância japonica]
MAGVWVFEDGMVRRADSEAPSRGRGVGGGGGGKVLVHVPSSEVVTSYEVLERRLRELGWERYLND
PCLLQFHQRSTVHLISVPRDFSRLKLVHMYDVVVKTRNVFEV

SEQ ID NO: 140, EAY73364, OsI_001211, Oryza sativa subst. indica, proteína hipotética
ATGTCAGGGGTTTGGCTGTTCAAGAACGGGGTGGTGAGATTGGTGGAGAAGCAGCAGGCGACGGCG
GGGACGTCGGTGGCGGGAGGGAGGAGGAAGGCGCTGGTGCACACGCCGAGCGGGCAGGTGGTGTCG
TCGTACGCGGCGCTGGAGGCGCGGCTGACGGCGCTCGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCCCTCC
CTCTTCCAGTTCCACAAGCGTGGCTCCCTCGACCTCATCTCCCTCCCCGCCGACTTCTCCGCCTTC
TCCTCCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGAACCGCGACTCCTTCCGCGTCGTCGACGCCTAA

SEQ ID NO: 141, A2WN18_ORYSI_Putative proteína não caracterizada . [Oryza sativa subst. indica]
MSGVWLFKNGVVRLVEKQQATAGTSVAGGRRKALVHTPSGQVVSSYAALEARLTALGWERYYEDPS
LFQFHKRGSLDLISLPADFSAFSSVEMYDIVVKNRDSFRVVDA

SEQ ID NO: 142, CAA72716, FPF1, Sinapis alba
ATGTCAGGCGTGTGGGTGTTCAAGAACGGAGTGATAAGGCTTGTGGAGAACCCTAACCAGTCAGGA
GGCGACACAAATAGCCGAAGGAAAGTGATGGTCTATTTACCGACAGGAGAAGTGATCTCATCTTAC
TCCACGCTCGAGCAGATCCTCCGGAGTCTTGGATGGGAGAGGTACTTCGGTGGCGGCGACACAGAT
CTTCTCCAATTCCACAAACGCTCATCCATTGATCTCATCTCTCTCCCTAAAGATTTCACCAAATTC
AGCTCTGTTTACATGTACGATATTGTCGTCAAGAACCCTAATTACTTCCACGTCCGAGACTCCAAT
TAA

SEQ ID NO: 143, O24340_SINAL_FPF1 protein. [Sinapis alba]
MSGVWVFKNGVIRLVENPNQSGGDTNSRRKVMVYLPTGEVISSYSTLEQILRSLGWERYFGGGDTD
LLQFHKRSSIDLISLPKDFTKFSSVYMYDIVVKNPNYFHVRDSN

SEQ ID NO: 144, EAY85756, OsI 006989, Oryza sativa subst. Indica, similar à sequência de RNA , EST similar a Arabidopsis, mRNA similar à ontologia d Gene de Arabidopsis
ATGGCGGGCGTGTGGGTGTTCAAGGACGGCATCGTGCGGCGCGTGGAGAACCCCGGCAGCGAGGAA
TCGTCGTCGGCGGGGAACGGCGGCGGAGGCGGGCGGCGGAAGGTGCTGGTGCACGTGCCGAGCGGG
GAGGTGGTGGCGTCATACGAGGTGCTGGAGCGGCGGCTGCGGGAGCTCGGGTGGGAGAGGTACCTC
ACCGACCCGTGCCTCCTGCAGTTCCACCAGCGCTCCACCGTGCACCTCATCTCTGTCCCCCGCGAC
TTCTCCAAGTTCAAGCTCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGACCCGCAACGTCTTCGAGGTC
CGCGACGCCGCCGCCCCCGCCGTCTCACCGGCGACCTAG

SEQ ID NO: 145, A2X4J6_ORYSI_proteína não caracterizada putativa [Oryza sativa subst. indica]
MAGVWVFKDGIVRRVENPGSEESSSAGNGGGGGRRKVLVHVPSGEVVASYEVLERRLRELGWERYL
TDPCLLQFHQRSTVHLISVPRDFSKFKLVHMYDIVVKTRNVFEVRDAAAPAVSPAT

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 146, NM_001053322.1 Oryza sativa (grupo do cultivar japonica) Os02g0460200 (Os02g0460200) mRNA, cds completo organismq oryza sativa (grupo do cultivar-japonica)

AGCGGCTGTATAGCTGCTGCCACTCAACTGTGCAGGACTCCTAGCTCCCTGCTACATATACCGGCC
GGTCGGACCCCCTCATCTTGCCGGCCTCATCATCGTCACCGATCGATCCCGGCCATTCCACGGTCG
ATCGATCGTCTCCGGCCGGCCGGTCGCCGGTGGGAATTGAAGCAGCTAGCTGACATACATACATGG
CGGGCGTGTGGGTGTTCAAGGACGGCATCGTGCGGCGCGTGGAGAACCCCGGCAGCGAGGAATCGT
CGTCGGCGGGGGACGGCGGCGGAGGCGGGCGGCGGAAGGTGCTGGTGCACGTGCCGAGCGGGGAGG
TGGTGGCGTCATACGAGGTGCTGGAGCGGCGGCTGCGGGAGCTCGGGTGGGAGAGGTACCTCACCG
ACCCGTGCCTCCTGCAGTTCCACCAGCGCTCCACCGTGCACCTCATCTCTGTCCCCCGCGACTTCT
CCAAGTTCAAGCTCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGACCCGCAACGTCTTCGAGGTCCGCG
ACGCCGCTGCCCCCGCCGTCTCACCGGCGACCTAGCTGCTGATCCGAGATCCATCCATCCATCGAT
CAGACGACAGCTTATAGCTACAGCAGTCCACATGAGCTTGCCTGCCTGCTATTATAAGAGTGTAAG
TATGTATATATATACTGGTATGCGTGTGATCGATCAAGGATCGATGTACACACAAATGATCAGCAT
GCACAGATCACTAGATCGAGATCTATAGCTCGATCGATTTGGGGTTTCTCCTGCCGGCGTTGCAGC
TTTTGGATTAGATGTTGCGCCGGTGAGGACATTGCTATAGGTTAATTGGCTTTTGGGTATATTTCT
GCATAAATAATGCATCAATAGAGAGCACAACATGTGTATGCATACTTATATTTATATGTACACATG
CATACATATATAAGTACATACATAGGGGCCGGGGGCAACATGCAGGTTGCAGAGATTCTGCCAGAG
ATCAAGCAGAAAGGGGATCGCCGATGCCCTACTCTCAACCGTACCTTTTTACTGTTTAATTTGGAA
TAATTTGGATTGTCTCAATACAAATTATGTACCAGTTTTTTC

SEQ ID NO: 147, Q0E1D7_ORYSJ_Os02g0460200 proteina (não caracterizada putativa). [Oryza sativa subst. japonica]

MAGVWVFKDGIVRRVENPGSEESSSAGDGGGGGRRKVLVHVPSGEVVASYEVLERRLRELGWERYL
TDFCLLQFHQRSTVHLISVFRDFSKFKLVHMYDIVVKTRNVFEVRDAAAPAVSPAT

SEQ ID NO: 148, F3L17.1, FPF1 LIKE PROTEIN 1, AT4G31380.1: similaridade para expressão proteina [Arabidopsis thaliana] (TAIR:At5g10625.1); Proteina de gravidade e desenvolvimento de raiz [Oryza sativa (grupo do cultivar-japonica)

CGAAAATTCTGGAATTCTGCATTTAATATATATATATATATCATATAATATAATGATAATCTACTT
GTCAGTCTACACACCCCTTTACCAACATATATATATATATATAGCACACACTCTACACGGTTTCCT
TATCCTCATCAAAATTAACAAACTCATTTTTGAATACCCAAAAAAAAAACCTAGCTAGCTCGAATTT
TTTTAAATATATAATAACATCAACAATGTCTGGTGTGTGGGTATTCAACAAAAACGGAGTCATGAG
GCTGGTGGAGAATCCTTACAACCAATCCGCCGGAGATTCGTCGGAATCGTCCTCTTCCGGTGGTAA
CCAGCAGCAGAGGATGAGGAGGAAAATTCTCGTCCATCTTCCAAGCAGCGAGGTTGTGTCTTCGTA
CGGATCACTTGAGAAGATCTTGAAGAATCTTGGGTGGGAGAGGTACTACAGTGGAGACAATACCGA
TCATCTGCTCCAGTTCCACAAGAGAACTTCGATCGATCTCATCTCTCTCCCTCGTGACTTCTCCAA
GTTTAACTCTATTCACATGTATGATATCGTCGTCAAGAACCCTAACGTCTTCCATGTCCGTGACAT
GTAGTAGTCAATCATCCAAAACAATGGTTCAATATCATTCTCCGATCATCGCCGCTGGTGATATAT
CTATCATGTATATATATATGCAGGTTTTTATTTTGTCGTTGGGTGTTTTTGTTTTTGGTTTATTTT
GTTTTTAATGCATTTAATGTACGTGTTTTCCGTTCGACGTCGATCGATTGGGGTGGGTTCAAGCTA
GAGCCATTCTAATAACTTTTATCATTTTGTGATTTTAATGAAATTGTATCATGTTGTCAAGTTCTC
TTATTATGGAGTGGATCAAAAAATATATACAGTACATCAAATTTCGAATGTTATATGATGAAATAT
CATAATTTGG

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 149, O49587_ARATH_ proteína não caracterizada putativa AT4g31380. [Arabidopsis thaliana]
MSGVWVFNKNGVMRLVENPYNQSAGDSSESSSSGGNQQQRMRRKILVHLPSSEVVSSYGSLEKILK
NLGWERYYSGDNTDHLLQFHKRTSIDLISLPRDFSKFNSIHMYDIVVKNPNVFHVRDM

SEQ ID NO: 150, EAY93400, OsI 014633, Oryza sativa subsp. Indica, similar à sequência de RNA, EST similar a Arabidopsis, Ontologia de gene: GO:0003924 atividade de GTPase, GO:0005509 ligação de ion cálcio GO:0005525 ligação de GTP ; GO:0007018 movimento com base em microtúbulo GO:0045298 tubulina; GO:0046785 polimerização de microtúbulo
ATGGCAGGGGTGTGGGTGTTTGAGGATGGGATGGTGAGGAGGGCAGATAGCGAGGCGCCGTCGAGA
GGGCGCGGTGTCGGTGGTGGAGGTGGGGGAGGGAAGGTGCTTGTGCACGTGCCGAGCAGCGAGGTG
GTGACGAGCTACGAGGTTCTGGAGAGGCGGCTGCGGGAGCTCGGGTGGGAGAGGTACCTCAACGAC
CCGTGCCTCCTCCAGTTCCACCAGCGCTCCACCGTCCACCTCATCTCCGTGCCCCCGCGACTTCTCC
CGCCTCAAGCTCGTCCACATGTACGACGTCGTCGTCAAGACCCGCAACGTCTTCGAGGTCCGCGAC
GCCGCCACCACTGCTGCCCCGCCATGA

SEQ ID NO: 151, A2XRE0_ORYSI_ proteína não caracterizada putativa [Oryza sativa subst. indica]
MAGVWVFEDGMVRRADSEAPSRGRGVGGGGGGGKVLVHVPSSEVVTSYEVLERRLRELGWERYLND
PCLLQFHQRSTVHLISVPRDFSRLKLVHMYDVVVKTRNVFEVRDAATTAAPP

SEQ ID NO: 152, AAR97604, equivalente ao fator promotor de florescimento 1 FPF1, Nicotiana tabacum
ATGTCTGGAGTTTGGGTATTCAAGAATGGAGTTGTCCGACTTGAAGATTGTCAAGGCTCAAGTGGT
CGTCGAAAAGTGTTAGTTCATGTTCCAAGTAATGAAGTCATCACATCCTATGCAGTACTTGAAAGG
AAACTTCATTCTCTTGGTTGGGAAAGGTATTATGATGATCTTGACCTTCTTCAGTACCATAAAAGA
TCAACTGTTCATCTCATTTCTCTCCCAAAAGATTTCAACAAGTTGAAGCCCATGCACATGTACGAT
ATTGTCGTCAAGAATCGCAATGAGTTTGAAGTTAGAGACATATGA

SEQ ID NO: 153, Q6RIB0_TOBAC_ equivalente ao fator promotor de florescimento 1 [Nicotiana tabacum]
MSGVWVFKNGVVRLEDCQGSSGRRKVLVHVPSNEVITSYAVLERKLHSLGWERYYDDLDLLQYHKR
STVHLISLPKDFNKLKPMHMYDIVVKNRNEFEVRDI

SEQ ID NO: 154, Arabidopsis thaliana, CAB89379, similaridade à proteína KIAA1038(AB028961, Homo sapiens)
ATGTCAGGAGTTTGGGTGTTCAATAACGGAGTGATACGTCTAGTGGAGAACCCGAACCAGTCCGGT
GGAGTTTCCACACAGTCGCACGGCCGGAGAAATGTCTTGGTTTACTTGCCGACCGGTGAAGCCGTC
TCATCTTACTCGTCGCTCGAACAAATCCTAAGGAGCCTCGGGTGGGAAAGATACTTCAGTGGAGAC
TCCGATCTCATCCAGTACCACAAACGCTCCTCCATCGACCTCATCTCCTTACCAAGAGACTTCTCC
AAGTTCAACTCCGTTTACATGTACGACATCGTTGTCAAGAACCCTAATTCCTTCCACAAACAAACG
ATGCCTCGTAAAGGATTATCCAATTTCGATGATTATGATGATGGTTTTGATGATGATGACGATGCT
TTTGATTATGACTATGATGTTGATATAGATGAACATGAAGAAGAAGCTGCTGCTGAACCAAAGGAA
GAAATTGCTAAAACGCAAGGGCTTTGGCGATGTGCTATCTGTACATATGACAATGTTGAGACTATG
TTTGTGTGTGATATCTGCGGTGTTCTTCGTCATCCTGTCGCCGGAAATCAAAGTATCAATAAGAAT
ACAGCTGTTCGTGTTGTGAGTCTCTTTGCAATTGTGGTGTTGCAAAGGCGTTATTCTGACAGTTCC
TTTTCAACTTATGTAGCACCTTTCAAGTTTGATGCTCCATCGCCAGATGATTTAGTCTCCAATGGA

FIGURA 10 cont.

CTAACATCCTCAAAAACTGGTCCAAAAGGCTCAGGTGATGCTAGCATGAGACAGAAGGAGAAGCAA
GATAGCGTAGAACAGAAACCTTTAAAGAAAGGAGGAGATAGTTCAGAAACAAGCTCCCGAGGTAGA
CATGATAAACTTGATGATAAGGGCGGTGCTGGCGGCATAAAATCAGGCAAAAGTTTGCCAAAAGCA
AAAGCAGATATGTCTAATGAGACAAGTTCGTCCTCTAAATATATGGAGACGTCGGAGAGTCTTACT
GGTACTATGAACAAGATGTCTTTGATTGGGGAAACAGAAAACTCTAGCGATATTAAAATTAGAGGA
CCAAAATCACAATCTAAGCATAAGCCAGAGGAGTGGATGCTTCTTGATAAAGAATCAGATGCACTA
AGCCAGCTTAATCTTGCCATCGTGGGGCATGTTGATTCCGGTAAGTCTACACTTTCGGGTAGATTA
TTGCATCTTTTGGGAAGAATATCGCAGAAGCAAATGCACAAGTATGAGAAAGAAGCAAAGTTGCAG
GGCAAAGGGTCCTTTGCATATGCCTGGGCATTGGATGAGAGTGCTGAAGAGAGGGAACGAGGAATA
ACAATGACTGTGGCTGTTGCTTATTTCAATTCCAAAAGACATCATGTTGTTTTGCTCGACTCTCCT
GGACACAAAGATTTTGTTCCAAACATGATAGCAGGAGCAACACAAGCAGATGCTGCGATTCTTGTC
ATAGATGCATCTGTTGGTGCTTTTGAAGCTGGTTTTGATAATTTGAAAGGGCAGACAAGGGAGCAT
GCACGGGTTCTGAGAGGTTTTGGCGTGGAGCAAGTCATAGTTGCAATCAACAAAATGGATATTGTT
GGCTACTCAAAGGAAAGATTTGATTTGATTAAGCAGCACGTTGGATCTTTTTTGCAATCCTGTCGT
TTTAAGGATTCTTCTCTGACATGGATTCCATTAAGTGCCATGGAAAACCAAAACTTGGTGGCAGCT
CCCTCTGATAACCGCCTATCCTCATGGTATCAAGGTCCATGTTTATTGGATGCCGTCGACTCTGTC
AAGTCTCCTGATAGAGACGTCTCAAAGCCTCTACTCATGCCTATATGTGACGCTGTAAGATCAACT
TCGCAAGGGCAGGTATCTGCATGTGGCAAACTTGAAGCTGGAGCTGTCCGGCCAGGATCTAAGGTA
ATGGTTATGCCATCAGGAGATCAAGGAACCATACGATCACTAGAGCGTGACTCTCAGGCTTGCACC
ATTGCAAGAGCTGGAGATAACGTAGCGTTAGCGTTGCAAGGGATCGATGCAAATCAAGTAATGGCA
GGAGATGTATTGTGCCATCCTGATTTCCCTGTATCAGTAGCAACTCATTTGGAATTGATGGTGCTC
GTCTTGGAAGGCGCAACACCGATCTTGCTCGGTTCTCAGTTGGAGTTTCATGTGCATCATGCAAAG
GAAGCAGCAACAGTTGTGAAACTTGTGGCAATGCTTGATCCCAAAACAGGGCAGCCAACAAAGAAG
TCTCCTCGTTGTCTAACTGCTAAACAGAGCGCAATGCTTGAGGTTAGTCTCCAAAATCCAGTATGT
GTGGAGACATTTTCTGAGAGTAGAGCTCTTGGAAGAGTGTTCCTTAGATCATCGGGAAGAACTGTT
GCTATGGGCAAAGTTACTCGGATTATCCAAGACTCATAA

SEQ ID NO: 155, Q9LXB6_ARATH proteina não caracterizada putativa F12B17_10. [Arabidopsis thaliana]

MSGVWVFNNGVIRLVENPNQSGGVSTQSHGRRNVLVYLPTGEAVSSYSSLEQILRSLGWERYFSGD
SDLIQYHKRSSIDLISLFRDFSKFNSVYMYDIVVKNPNSFHKQTMPRKGLSNFDDYDDGFDDDDDA
FDYDYDVDIDEHEEEAAAEPKEEIAKTQGLWRCAICTYDNVETMFVCDICGVLRHPVAGNQSINKN
TAVRVVSLFAIVVLQRRYSDSSFSTYVAFFKFDAPSPDDLVSNGLTSSKTGPKGSGDASMRQKEKQ
DSVEQKPLKKGGDSSETSSRGRHDKLDDKGGAGGIKSGKSLFKAKADMSNETSSSSKYMETSESLT
GTMNKMSLIGETENSSDIKIRGPKSQSKHKPEEWMLLDKESDALSQLNIAIVGHVDSGKSTLSGRL
LHLLGRISQKQMHKYEKEAKLQGKGSFAYAWALDESAEERERGITMTVAVAYFNSKRHHVVLLDSP
GHKDFVPNMIAGATQADAAILVIDASVGAFEAGFDNLKGQTREHARVLRGFGVEQVIVAINKMDIV
GYSKERFDLIKQHVGSFLQSCRFKDSSLTWIPLSAMENQNLVAAPSDNRLSSWYQGPCLLDAVDSV
KSPDRDVSKPLLMPICDAVRSTSQGQVSACGKLEAGAVRPGSKVMVMPSGDQGTIRSLERDSQACT
IARAGDNVALALQGIDANQVMAGDVLCHPDFPVSVATHLELMVLVLEGATPILLGSQLEFHVHHAK
EAATVVKLVAMLDPKTGQPTKKSPRCLTAKQSAMLEVSLQNPVCVETFSESRALGRVFLRSSGRTV
AMGKVTRIIQDS

SEQ ID NO: 156, NM_001058903.1 nome|Oryza sativa (grupo do cultivar japonica)Os04g0282400 (Os04g0282400) mRNA, cds completo

GCACCACCACCATTGCTGAGCTCCAAAGCTTCTAGCTGTGATCAAGCAAAGAAGAATTGAAAAAAAA
ACATATATATATTATATATATGGCAGGGGTGTGGGTGTTTGAGGATGGGATGGTGAGGAGGGCAGA
TAGCGAGGCGCCGTCGAGAGGGCGCGGTGTCGGTGGTGGAGGTGGGGGAGGGAAGGTGCTTGTGCA

FIGURA 10 cont.

CGTGCCGAGCAGCGAGGTGGTGACGAGCTACGAGGTTCTGGAGAGGCGGCTGCGGGAGCTCGGGTG
GGAGAGGTACCTCAACGACCCGTGCCTCCTCCAGTTCCACCAGCGCTCCACCGTCCACCTCATCTC
CGTGCCCCGCGACTTCTCCCGCCTCAAGCTCGTCCACATGTACGACGTCGTCGTCAAGACCCGCAA
CGTCTTCGAGGTCCGTGACGCCGCCACCACTGCTTCCCCGCCATGATCGCATCGATGTCTATGCTT
TGATCATCATCGATATGACCTTCCTCGACTCCGGGCTCAGGCCAGACACGCCGCCATGGCGCCTAC
AATCGTATGTGTGTATTGTATGAATCTCAATTCAGGTAATGAATGATTGTATATCATATGATTTGT
AATTCTGTACAGGTATAACGTATGCGTATATACGTACGTGTGCGATCGATCGGGTGTGTGTGATAT
ATATTAAAATAAGCGTGGCTGGTTTAATTGCAAGTGAGTGTTTAGTTATTTAATTATACGAGAGCC
ATGAGCACGTGTGTAGCTAGCTTTGGAGTCTTGTACTTTGTGGTTTGGAGCCATTGCTTGACTGAT
TCCGTGGCACGAATCAATCATCCATGCGTTATGCAGTGACAATAAATAATTAGTTTTGTC

SEQ ID NO: 147, Q0JEF5_ORYSJ_Os04g0282400 protein. [Oryza sativa subsp. japonica]

MAGVWVFEDGMVRRADSEAPSRGRGVGGGGGGGKVLVHVFSSEVVTSYEVLERRLRELGWERYLND
PCLLQFHQRSTVHLISVFRDFSRLKLVHMYDVVVKTRNVFEVRDAATTASFP

SEQ ID NO: 158, NM_001056626, Oryza sativa (grupo do cultivar japonica) Os03g0346200 (Os03g0346200) mRNA, cds completo

ATGGGGTCGCTGCAGGCGCTGGAGCGGAGGCTGGCGGGGCTCGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGAC
CGCGCCGTGGTGCAGCTCCACCGCCGCGACGGCGGCGCCGACCTCATCTCCCTCCCCCGCGACTTC
GCCCGCTTCCGCTCCACCCACATGTACGACGTCGTCCTCAAGAACCGCGACCACTTCAAGGGAGGA
AGCGCAGAGGAGAGGGCGTGGCTCCGTCGGCTGTCGGCGACCTCGACGGCGGCGGGAGGTGGCCCC
GGCTGCGGTGGCGCTAAGGATCGGAGTGGCAGCCGGTGGTAG

SEQ ID NO: 159, NP_001050091, Os03g0346200 [Oryza sativa(grupo do cultivar japonica)], prognóstico de proteína hipotética conservada desde o princípio com suporte EST

MGSLQALERRLAGLGWERYYEDRAVVQLHRRDGGADLISLPRDFARFRSTHMYDVVLKNRDHFKGG
SAEERAWLRRLSATSTAAGGGPGCGGAKDRSGSRW

SEQ ID NO: 160, CAN81644.1, proteína hipotética, altamente similar a EMBL:Y11987

ATGTCTGGTGTTTGGGTATTCGACAAGAATGGCGTGGCCCGGCTCGTACGAACCCGACCCGGGAGT
CGTTCGAACAAAAGGAGCCGCCATTTCCGGGCACAGCCACCGCCCCAGGTGCACGTCCACGGCTTC
TGGTGTACCTCCCAGAGAATCAGGTGATTCGAAGCTACACGGAACTGGAGCAGCGACTGAACCAAC
TGGGGTGGAGTCGGTACCACAACTACCAGCATCCCAGCCTGGTCCAGTTCCACAAGTCCGACAACT
CTTCTCACCTCCTGTCCCTCCCCAAAAGCTTTGCCAACTTCAAGTCTTTTCACTTTTACGATATCG
TCGTCAAGAATCGATCTTTCTTTGAAGTCCGCGAGGCCTGA

SEQ ID NO: 161, A5BZJ2_VITVI, proteína não caracterizada putativa Vitis vinifera.

MSGVWVFDKNGVARLVTNPTRESFEQKEPPFPGTATAPGARPRLLVYLPENQVIRSYTELEQRLNQ
LGWSRYHNYQHPSLVQFHKSDNSSHLLSLPKSFANFKSFHFYDIVVKNRSFFEVREA

SEQ ID NO: 162, motivo 1 :

GVW(V/L)F

SEQ ID NO: 163, motivo 2 :

LGW(E/S)RY(Y/F)

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 164, motivo 3 :
(D/H)L(L/I)S(I/V/L)P(R/K/A)(S/D)F

SEQ ID NO: 165, motivo 4 :
(H/Y)(F/M)YD(V/I)VVK(N/T)(R/F)

SEQ ID NO: 166,
expressão equivalente a GOS2-RAA1, codons de início e final em negrito

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGG
TCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTAT
TGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTG
TTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTAT
GGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTT
GTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACG
GTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCC
CTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTA
AGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGAA
ACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTTT
TTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGC
TTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGAA
GAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATTC
ATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAC
TGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGTA
GAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGG
GATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTT
TCACCAGCAAAGTTCATTTAAATCAACTAGGGATATCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAA
CA**ATG**TCAGGGGTTTGGGTGTTCAAGAACGGGGTGGTGAGATTGGTGGAGAAGCAGCAGGCGACGG
CGGGGACGGCGGTGGCGGGAGGGAGGAGGAAGGCGCTGGTGCACACGCCGAGCGGGCAGGTGGTGT
CGTCGTACGCGGCGCTGGAGGCGCGGCTGACGGCGCTCGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCCCT
CCCTCTTCCAGTTCCACAAGCGTGGCTCCCTCGACCTCATCTCCCTCCCCGCCGACTTCTCCGCCT
TCTCCTCCGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGAACCGCGACTCCTTCCGCGTCGTCGACGCC**T**
AAAT

FIGURA 10 cont.

SEQ ID NO: 167,
combinação equivalente a HMGP-RAA1, codons de início e final em negrito

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGCCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCCATTTAAATCAACTAGGGATATCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACA**ATG**TC
AGGGGTTTGGGTGTTCAAGAACGGGGTGGTGAGATTGGTGGAGAAGCAGCAGGCGACGGCGGGGAC
GGCGGTGGCGGGAGGGAGGAGGAAGGCGCTGGTGCACACGCCGAGCGGGCAGGTGGTGTCGTCGTA
CGCGGCGCTGGAGGCGCGGCTGACGGCGCTCGGGTGGGAGCGCTACTACGAGGACCCCTCCCTCTT
CCAGTTCCACAAGCGTGGCTCCCTCGACCTCATCTCCCTCCCCGCCGACTTCTCCGCCTTCTCCTC
CGTCCACATGTACGACATCGTCGTCAAGAACCGCGACTCCTTCCGCGTCGTCGACGCC**TAA**AT

FIGURA 10 cont.

MEGVGARQRRNPLIPRPNGSKRHLQHQHQPNAAEKKTAATSN**YFS**IEAFLVLVFLT

MSLLILPLVLPPLPPPPSLLLLLPVCLLILLV**VLAFMPT**DVRSMAS**SYL**

FIGURA 11

CLUSTAL W (1.83) **alinhamento de sequência múltipla**

```
------------------------------------------------------------
------------------------------------------------------------
------------MIREISNLQKD-----IINIQDS-YSNNRVMDV-GRNNR---KNMSFR
------------MIREFSSLQND-----IINIQEH-YSLNNNMDVRGDRNR---KNTSFR
------------MSIEQFEADSRLSEGPLINLQDR--YLSGIMEARGRRNSAFLQVERKN
------------MNSDNSESSRQRLSKG-IINLQDR--YPTSIMD-RG----------VRKI
----------MNMDMESSEAKLRSSKG-FINLEEHQQYFNNIME--G-------------
------------------------------------------ME--G-------------
---------------------------------MDSQFGALERG-----GSRQRR-------SP
---------------------------------MDSQFGAMDRG-----GSRQRS-------SP
-----------------------------------------MEGV-----GARQRR-------NP
---------------------------------MASRSSAMEGG-----AAIQR----------
---------------------------------MASRSSALEGGG----AAIQR----------
-------------------------------------------MEGG-----GQIQR-------
-------------------------------------------MEGG-----GQIQR-------
-----------------------------MLLEHLMITMEEQMFREQQMQRG-------GR
MYLLSPRNGDEEDEQEEIQELISDDEPPNLKLASCATAASSSSSSSGSDMEKGRGNACGGG


------------MVR-----------------------------CFSLGSVLILIALAASMVVLPL
----------MIMVAS-------KEKTNSG-----------GCMFRYSVLILSLLALSILVLPL
-SSPE--KSKQELRRSFSAQK--RMMIPA-----------NYFSLESLFLLVGLTASLLILPL
GSAPAPIMGKQELFRTLSSQNSPRRLISA-----------SYFSLESMVVLVGLTASLLILPL
PTPPMAEGKKMEYNRTPLSRENSRRLIPA-----------SYFSLESLLLLICLTASLLILPL
ATPPVEK-RKVEYHRS-YSQGASRKLFSA-----------SYFTLESLLLLVCLTASLLILPL
----------NKMEHKRS-FTQGHGKKMLSM---------NYFSLESIILLLGLTASLLLLPL
----------NKMEHKRS-FTQGHGKKMLSM---------NYFSLESIILLLGLTASLLLLPL
VLARPNTTKRHIQQQ--RANAADKKVVMP-----------NYFSIEAFFVLACLTVSLLILPL
VLARPNTAKRQMQQQ--RANAADKKVVIP-----------NYFGVEAFFVLACLTVSLLILPL
LIPRPNGSKRHLQHQH-QPNAAEKKTAATS-----------NYFSIEAFLVLVFLTMSLLILPL
---RN-AVKRHLQQRQQEADFLDKKVIAS-----------TYFSIGAFLVLACLTVSLLILPL
---RNNAVKRHLQQRQQEADFHDKKVIAS-----------TYFSIGAFLVLACLTFSLLILPL
---RNNAVKRHLQQNQQEADFLDKKVIAS-----------TYFSIEAFLVLACLTVSLLILPL
---RNNAVKRHLQQRQQEADFLDKKVIAS-----------TYFSIEAFLVLACLTVSLLILPL
HHQHNTTREQEQQQRQQQRRRLMNNATNGGGGDGGSRCYFSTEAILVLACVTVSLLVLPL
STAPFFPPPSSSGKSGGGGGSNIREAAASGGGGGVNGKYFSVESLLLLVCVTASLVILPL
                                          :   :..:*  :: *:::***
```

FIGURA 12

```
MLPPLPPPPLALLFTPVGIMAALVVLAFSPSENV----KNVVV----------
VMPPLPPPPLLLLLVPVFIMLLLFFIAFSPSKKV----PNKAS----------
VLPPLPPPPFMLLLVPIGIMVLLVVLAFMPSSHSNANTDVTCN----------
ILPPLPPPPFMLLLIPIGIMVLLMVLAFMPSSNS-KHVSSSST----------
ILPPLPPPPFMLLLLPIGILAVLMILAFMPSNVR----DLTYT----------
VLPPLPPPPFLLLLVPIXILAVLLVLAFMPSNVR----DITST----------
MLPPLPPPPFMLLLVPIFILVVLMILAFMPSNVR----NVTCS----------
MLPPLPPPPFMLLLVPIFILVVLMILAFMPSNVR----NVTCS----------
VLPPLPPPPSLLLFVPVCLLILLMVLAFMPTDMR----SMATS----------
VLPPLPPPPSLLLLLPVCLLILLMVLAFMPTDVR----SMATS----------
VLPPLPPPPSLLLLLPVCLLILLVVLAFMPTDVR----SMASS----------
XXXXXXXXXXXLLWLPVCLLVLLVVLAFMPTDVR----SMASS----------
VLPPLPPPPSLLLWLPVCLLVLLVVLAFMPTDVR----SVAAS----------
VLPXLPAPASLLLWLPVWLLELLIVLAFMPTDVR----SMASS----------
VLPPLPPPPSLLLWLPVCLLILLIVLAFMPTDVR----SMASS----------
ILPPLPPPPTLLLLLPVCLLALLVVLAFMPTDMR----TMASS----------
VLPPLPPPPSMLMLVPVAMLVLLLALAFMPTTTS----SSSSAGGGGGGGRNGATTGHAP
            *: .*: ::  *. :** *:
```

```
YSSSSSGIANSKR
FVS----------
FM-----------
FM-----------
YV-----------
YV-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
YL-----------
:
```

FIGURA 12 cont.

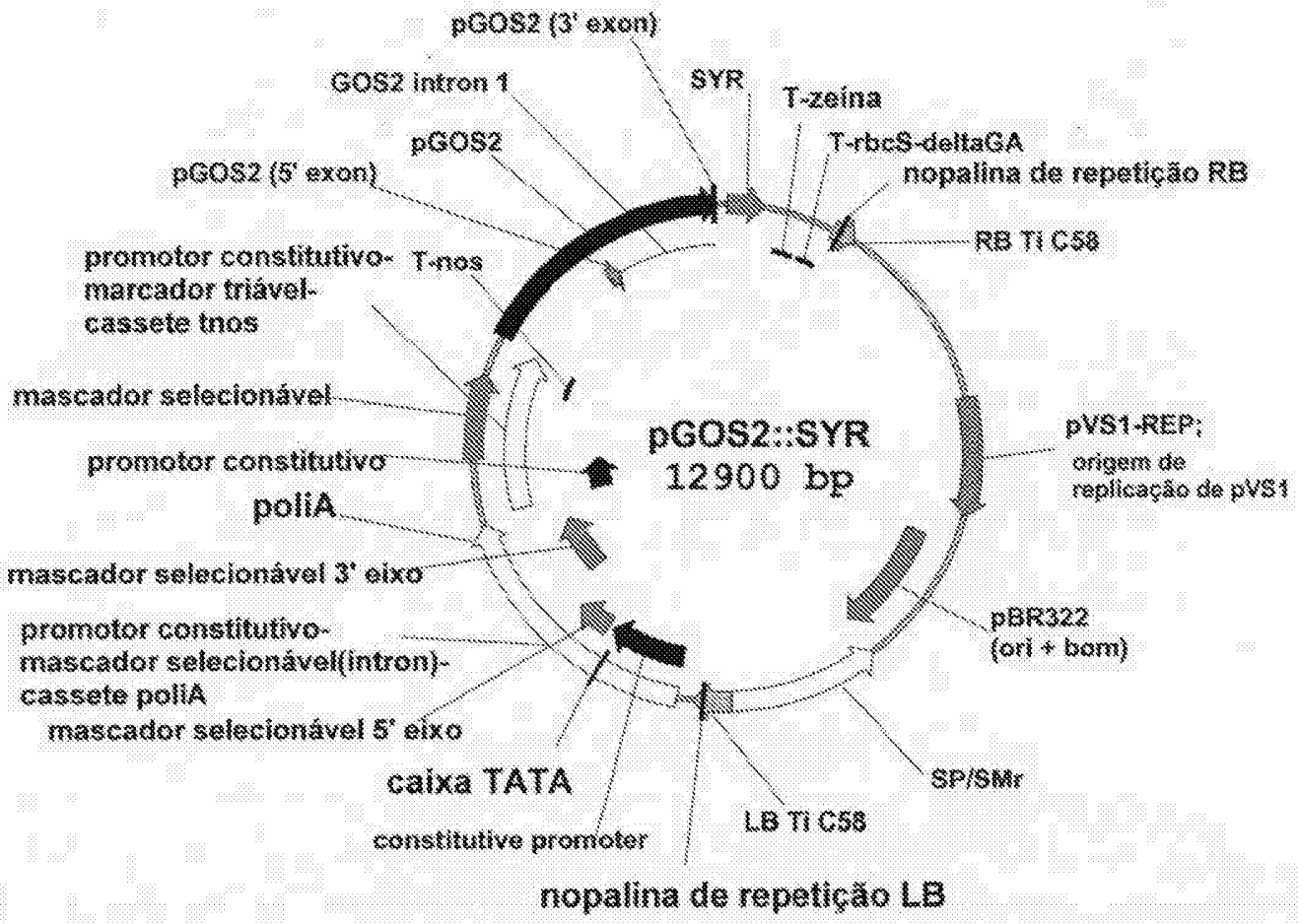

pGOS2 (3' exon)
GOS2 intron 1
SYR
T-zeína
pGOS2
T-rbcS-deltaGA
pGOS2 (5' exon)
nopalina de repetição RB
RB Ti C58
promotor constitutivo-
marcador triável-
cassete tnos
T-nos
mascador selecionável
pGOS2::SYR
12900 bp
pVS1-REP;
origem de
replicação de pVS1
promotor constitutivo
poliA
mascador selecionável 3' eixo
pBR322
(ori + bom)
promotor constitutivo-
mascador selecionável(intron)-
cassete poliA
mascador selecionável 5' eixo
caixa TATA
SP/SMr
LB Ti C58
constitutive promoter
nopalina de repetição LB

FIGURA 13

SEQ ID NO: 168, sequência codificadora OsSYR

ATGGAAGGTGTAGGTGCTAGGCAGAGGAGGAACCCTCTGATACCCAGACCAAACGGTTCAAAGAGG
CATCTGCAGCATCAGCATCAGCCAAATGCTGCCGAGAAGAAGACCGCCGCGACATCGAATTACTTC
AGTATCGAGGCGTTCCTCGTGCTCGTCTTCCTCACCATGTCATTGCTCATACTTCCATTGGTGCTT
CCCCCATTGCCTCCGCCGCCATCGCTGCTGCTGCTGCTGCCAGTCTGCCTGCTCATCCTGCTGGTT
GTGCTGGCCTTCATGCCAACGGATGTGCGGAGCATGGCTTCCTCTTACTTGTAAATACATCTCCTA
GGGGAATTTATTTTTGTTTTTGA

SEQ ID NO: 169, sequência de proteína deduzida OsSYR

MEGVGARQRRNPLIPRPNGSKRHLQHQHQPNAAEKFTAATSNYFSIEAFLVLVFLTMSLLILFLVL
PPLPPFPSLLLLLPVCLLILLVVLAFMPTDVRSMASSYL

SEQ ID NO: 170, prm08170

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGAAGGTGTAGGTGCTAGG

SEQ ID NO: 171, prm08171

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCAAAAACAAAAATAAATTCCCC

SEQ ID NO: 172, sequência promotora GOS2 do arroz

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
CAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGG
TCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTAT
TGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTG
TTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTAT
GGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTT
GTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACG
GTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCC
CTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTA
AGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGAA
ACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTTT
TTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGC
TTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGAA
GAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATTC

FIGURA 14

ATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAC
TGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGTA
GAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGG
GATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTT
TCACCAGCAAAGTTC

SEQ ID NO: 173, motivo conservado 1a
YFS

SEQ ID NO: 174, motivo conservado 1b
YFT

SEQ ID NO: 175, motivo conservado 1c
YFG

SEQ ID NO: 176, motivo conservado 1d
YLG

SEQ ID NO: 177, motivo conservado 2
(V/A/I)LAFMP(T/S)

SEQ ID NO: 178, motivo conservado 3
(S/P)YL

SEQ ID NO: 179, homólogo 1 de SYR do arroz (XP_472637), codificado pela SEQ ID NO: 27
MYLLSPRNGDEEDEQEEIQELISDDEPPNLKLASCATAASSSSSSGSDMEKGRGKACGGGSTAPPP
PPFSSSGKSGGGGGSNIREAAASGGGGGVWGKYFSVESLLLLVCVTASLVTLPLVLPPLPPPPSML
MLVPVAMLVLLLALAFMPTTTSSSSSAGGGGGGGRNGATTGHAPYL

SEQ ID NO: 180, homólogo 2 de SYR do arroz sequência de proteína deduzida (AP008218)
MLLEHLMITMEEQMFREQQMQRGGRHHQHHTTREQEQQQKQQQRRRLMNNATNGGGGDGGSRCYFS
TEAILVLACVTVSLLVLPLILPFLPPPPTLLLLLPVCLLALLVVLAFMPTDMRTMASSYL

SEQ ID NO: 181, homólogo SYR do milho (AY110705), codificado pela SEQ ID NO: 28
MASRSSAMEGGAAIQRRNAVKRHLQQRQQEADFLDKKVIASTYFSIGAFLVLACLTVSLLILFLKX
XXXXXKXXXLLWLPVCLLVLLVVLAFMPTDVRSMASSYL

SEQ ID NO: 182, homólogo SYR do trigo sequência de proteína deduzida (CK211328)
MDSQFGALERGGSRQRRSPVLARPNTTKRHIQQQRANAADKKVVMPNYFSIEAFFVLACLTVSLLI
LPLVLPPLPPPPSLLLPVPVCLLILLMVLAFMPTDMRSMATSYL

SEQ ID NO: 183, homólogo SYR da cevada (CB871444), codificado pela SEQ ID NO: 36
MDSQFGAMDRGGSRQRSSPVLARPNTAKRQMQQQRANAADKKVVIPNYFGVEAFFVLACLTVSLLI
LPLVLPPLPPPPSLLLLLPVCLLILLMVLAFMPTDVRSMATSYL

FIGURA 14 cont.

SEQ ID NO: 184, homólogo SYR do da cana de açúcar 1 codificado pela SEQ ID NO: 37 (CA165713)
MEGGGQIQRRNNAVKRHLQQRQQEADFLDKKVIASTYFSIEAFLVLACLTVSLLILPLVLPXLPAP
ASLLLWLPVWLLELLIVLAFMPTDVRSMASSYL

SEQ ID NO: 185, homólogo SYR do da cana de açúcar 2 codificado pela SEQ ID NO: 38 (CA242805)
MEGGGQIQRRNNAVKRHLQQRQQEADFLDKKVIASTYFSIEAFLVLACLTVSLLILPLVLPPLPPP
PSLLLWLPVCLLILLIVLAFMPTDVRSMASSYL

SEQ ID NO: 186, homólogo SYR do sorgo codificado pela SEQ ID NO: 39 (CX611532)
MASRSSALEGGGAAIQRRNNAVKRHLQQRQQEADFHDKKVIASTYFSIGAFLVLACLTFSLLILPL
VLPPLPPPPSLLLWLPVCLLVLLVVLAFMPTDVRSVAASYL

SEQ ID NO: 187, homólogo SYR Arabidopsis thaliana 1 codificado pela SEQ ID NO: 40 (NM_115853)
MIREISNLQKDIINIQDSYSNNRVMDVGRNNRKNMSFRSSPEKSKQELRRSFSAQKRMMIPANYFS
LESLFLLVGLTASLLILPLVLPPLPPPPFMLLLVPIGIMVLLVVLAFMPSSHSNANTDVTCNFM

SEQ ID NO: 188, homólogo SYR Arabidopsis thaliana 2 codificado pela SEQ ID NO: 41 (NM_180078)
MIREFSSLQNDIINIQEHYSLNNNMDVRGDHNRKNTSFRGSAPAPIMGKQELFRTLSSQNSPRRLI
SASYFSLESMVVLVGLTASLLILPLILPPLPPPPFMLLLIPIGIMVLLMVLAFMPSSNSKHVSSSS
TFM

SEQ ID NO: 189, homólogo SYR da uva (CF404276), codificado pela SEQ ID NO: 29
MSIEQPEADSRLSEGPLINLQDRYLSGIMEARGRRNSAPLQVERKNPTPPMAEGKKMEYNRTPLSR
ENSRRLIPASYFSLESLLLLICLTASLLILPLILPPLPPPPFMLLLLPIGILAVLMILAFMPSNVR
DLTYTYV

SEQ ID NO: 190, homólogo SYR de cítrico (CF830612), codificado pela SEQ ID NO: 30
MNSDNSESRQRLSKGIINLQDRYPTSIMDRGVRKIATPPVEKRKVEYHRSYSQGASRKLFSASYFT
LESLLLLVCLTASLLILPLVLPPLPPPPFLLLLVPIXILAVLLVLAFMPSNVRDITSTYV

SEQ ID NO: 191, homólogo SYR do tomate 1 (AI774560), codificado pela SEQ ID NO: 32
MNMDMESSEAKLRSSKGFINLEEHQQYFNNIMEGNKMEHKRSFTQGHGKKMLSMNYFSLESIILLL
GLTASLLLLPLMLPPLPPPPFMLLLVPIFILVVLMILAFMPSNVRNVTCSYL

SEQ ID NO: 192, homólogo SYR do tomate 2 sequência parcial (BG125370) codificado pela SEQ ID NO: 31
MEGNKMEHKRSFTQGHGKKMLSMNYFSLESIILLLGLTASLLLLPLMLPPLPPPPFMLLLVPIFIL
VVLMILAFMPSNVRNVTCSYL

FIGURA 14 cont.

SEQ ID NO: 193, Arabidopsis thaliana proteína ARGOS (AY305869), codificado pela SEQ ID NO: 42

MDVGRNNRKNMSFRSSPEKSKQELRRSFSAQKRMMIFANYFSLESLFLLVGLTASLLILPLVLPPL
PPPFFMLLLVFIGIMVLLVVLAFMPSSHSNANTDVTCNFM

SEQ ID NO: 194, Oryza sativa homólogo SYR, mRNA, (XM_472637), proteína codificadora da SEQ ID NO: 12

ATGTACTTGTTGAGCCCAAGAAATGGCGACGAGGAGGACGAACAGGAGGAAATCCAGGAGCTGATC
AGCGACGACGAGCCGCCCAATCTCAAGTTGGCATCCTGCGCCACTGCAGCCAGCAGCAGCAGCAGC
AGCGGCAGCGACATGGAGAAGGGAAGAGGTAAAGCCTGCGGCGGCGGGAGTACGGCGCCGCCGCCG
CCGCCGCCGTCGTCGTCAGGTAAATCCGGCGGCGGCGGCGGCAGCAATATCAGGGAGGCGGCGGCT
AGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGTGTGGGGCAAGTACTTCTCGGTGGAGTCGCTGCTCCTGCTGGTGTGC
GTGACGGCGTCGCTGGTGATCCTCCCGCTCGTGCTGCCGCCGCTGCCCCCGCCGCCGTCGATGCTG
ATGCTGGTGCCGGTGGCGATGCTGGTGCTGCTGCTGGCGCTGGCGTTCATGCCGACGACGACGTCG
TCGTCGTCGTCCGCCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCCGCAATGGGGCGACGACGGGACATGCTCCC
TACTTGTAG

SEQ ID NO: 195, corn homólogo SYR , mRNA (AY110705), proteína codificadora da SEQ ID NO: 14

TTCACATTACACTCATGACTCGTCTTAGGACGAATCCTGCAGCTGCAAAACACAGAAAATCTGGCC
AAGACCTATTTATCTATTTACAGGTAAGAGGAGGCCATGCTGCGCACATCTGTCGGCATGAAGGCC
AGTACAACCAGCAAGACGAGCAGGCAGACCGGCAGCCACAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNCCAGCGGCAGTATCAGCAGCGAGACGGTGAGGCAGGCGAGCACGAGGAATGCCCCG
ATGCTGAAGTAGGTGGACGCGATGACCTTCTTGTCGAGGAAATCCGCCTCCTGCTGACGCTGCTGC
AGATGCCGCTTCACGGCATTCCTCCTTTGTATTGCCGCCCCTCCTTCCATCGCGCTAGATCGGCTT
GCCATGTGTTCTTTGGTGTAGGCGGAGGTGGAGACCAGTCGCAGTGAGTGGTTGCCAAAGTAAGCA
AGAAGTGAAAGGCGGTGTAGAACCGCCTTGNGTTTCTGAACGTTTTGTAATCAGATCTGAGCTCG
GGTGGTCGAA

SEQ ID NO: 196, Vitis vinifera clone de cDNA CSECS024D03 3' sequência de mRNA (CF404276, complemento reverso), codifica a SEQ ID NO: 22

TACTTTGAACCGGTTGGAACTTGGTGACCGGTAAAGGAGAAATTTAAATGAGTATTGAGCAGCCTG
AAGCAGATTCAAGACTGTCTGAAGGACCTTTGATCAATCTGCAAGATCGATATTTGAGTGGCATCA
TGGAAGCGAGAGGAAGGAGGAACTCTGCTCCTCTGCAAGTTGAGAGGAAAAACCCTACTCCTCCTA
TGGCCGAAGGAAAGAAGATGGAATATAATAGAACTCCCCTCTCACGAGAGAACAGCAGGAGACTGA
TCCCAGCAAGCTATTTCAGCTTGGAGTCATTGCTTTTGCTCATCTGTCTCACGGCTTCATTGCTGA
TCCTTCCCCTGATACTACCACCATTGCCACCCCCTCCTTTCATGCTGCTTCTGCTCCCCATTGGCA
TTCTAGCAGTGCTTATGATCTTGGCTTTCATGCCTTCTAATGTCAGAGATTTGACTTATACATATG
TGTAAATGGTGGTGTTCAAAAGTGCACCTCTTCTCATCATACAATTTTTGTTATTTGTCTTGATAT
TCAGATGAAAATCAGTTATTTTATTTCTTGATTAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 197, Citrus reticulata clone de cDNA CR_CEa05B13, sequência de mRNA (CF830612), codifica a SEQ ID NO: 23 (nt 313-693)

AGGGTTTCTTCAAAGATAGGTAGCCATTTGCACATTTGAATCTGCTTGTTGGATATTGTCAAGGAG
GCTGTTGGAATTAGGCCACATTTCAGAATCTGGTTTCATCCTGGATCGCTGGGCATTTGAAGGCAT
TTTGTGATCATCGCTGTTTAAAATTTGGCCGCATATTAGAATCTGGGTTCTCATCGGTTTTCCGTA
CATTTACCTTGACCACATTTTGATATCTGGGTTGAGCTGCATTTTAGCCTTCGTATTTAAAAGGAC
TTGATCTAATCTGGGGTCTTGGTGAGCCGGGGCAACTGATCATAGTAAATGAATTCTGATAATTCT

FIGURA 14 cont.

GAGTCGAGACAGAGACTATCAAAGGGCATTATAAACTTGCAAGATCGATATCCGACCAGCATTATG
GATCGTGGTGTAAGAAAAATTGCAACTCCTCCGGTCGAGAAGAGGAAAGTTGAGTATCACCGAAGT
TACTCGCAAGGGGCATCCAGAAAACTGTTTTCGGCAAGCTATTTCACCCTGGAATCATTGCTTTTG
CTCGTATGTCTGACGGCCTCATTGCTGATCCTGCCATTGGTGCTTCCGCCCTTGCCGCCCCCGCCA
TTCCTGCTGCTTCTGGTTCCTATANGTATTCTAGCCGTGCTTTTGGTCTTGGCATTCATGCCTTCT
AATGTAAGAGATATAACTTCCACGTACGTGTAAATGGTGTTGCT

SEQ ID NO: 198, Lycopersicon esculentum clone de cDNAcTOF8M10 sequência 5', sequência parcial de mRNA (BG125370) codifica a ID NO: 25

GAAAAAAATGTATTTAATCATTATGTAAAAAACAAGTGAATCTACTTTGATATTTTCTTCTAAATT
AAACCACACAATTAAAGATATGAGCAAGTCACATTCCTAACATTAGAAGGCATAAAAGCTAAGATC
ATAAGAACAACAAGAATGAAAATTGGGACTAACAACAACATAAAAGGTGGTGGTGGCAATGGTGGA
AGCATCAATGGCAAAAGTAACAAAGATGCTGTAAGACCAAGTAACAAAATAATTGACTCTAAGCTA
AAATAATTCATTGACAACATTTTCTTGCCATGTCCTTGTGTAAATGATCTCTTATGCTCCATCTTA
TTGCCTTCCATAATGTTGTTGAAATATTGTTGATGTTCCTCCAAATTAATAA

SEQ ID NO: 199, Lycopersicon esculentum clone de cDNA cTOF8M10 sequência 5', sequência parcial de mRNA (AI774560), clone de cDNA ID NO: 24

TTTGTTAAAGATTGGCACATTTTCAAGTTCAGTATTCATTCGATTTTTGATATCTACATAAAAAAA
AAGTGTCCTGGTACTACTCAATATTCCTCAGAACGACTTCATATTCAGGTCTCGAATTCAAAACCT
CACATCAAGATTCTTAGGAAATTTCAAGATTGGTTGAAAAACTCATATCCTTCTCTAAGTTTCAAG
ATTGGTTCCAAATTAAAACTCGAGACTTCTGAGTAAGAGCGTACGACTAGTAATGAACATGGACAT
GGAATCATCAGAGGCAAAATTGAGATCATCAAAAGGGTTTATTAATTTGGAGGAACATCAACAATA
TTTCAACAACATTATGGAAGGCAATAAGATGGAGCATAAGAGATCATTTACACAAGGACATGGCAA
GAAAATGTTGTCAATGAATTATTTTAGCTTAGAGTCAATTATTTTGTTACTTGGTCTTACAGCATC
TTTGTTACTTTTGCCATTGATGCTTCCACCATTGCCACCACCACCTTTTATGTTGTTGTTAGTCCC
AATTTTCATTCTTGTTGTTCTTATGATCTTAGCTTTTATGCCTTCTAATGTTAGGAATGTGACTTG
CTCATATCTTTAATTGTGTGGTTTAATTTA

SEQ ID NO: 200, promotor da proteína do grupo de alta mobilidade

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGCCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCC

FIGURA 14 cont.

SEQ ID NO: 201, Medicago sativa
MVRCFSLGSVLILIALAASMVVLPLMLPPLPPPPLALLFFFVGIMAALVVLAFSPSENVKNVVVYS
SSSSGIANSKR

SEQ ID NO: 202, Medicago sativa
MIMVASKEKTNSGGCMFRYSVLILSLLALSILVLPLVMPPLPPPPLLLLLVPVFIMLLLFFIAFSP
SKKVPNKASFVS

SEQ ID NO: 203, CB871444 HC03O01y CH Hordeum vulgare cDNA clone HC03O01 3-PRIME, sequência de mRNA de complemento reverso que codifica a SEQ ID NO : 16

CTTCCGAGAAAGATGCTTCATATTGCACTCATCTTATGCCAACACACAATCAGAAACAAAAAACCAC
GCAGCAAGCCTATTTACAAGTAAGAGGTGGCCATGCTCCGCACATCAGTCGGCATGAAGGCCAGCA
CCATCAACAGGATGAGCAAGCAGACCGGCAAGAGCAGCAGTAGCGATGGCGGTGGGGGCAACGGAG
GCAGCACCAATGGCAGTATGAGCAATGAAACGGTGAGGCAGGCGAGCACGAAGAACGCTTCGACGC
CGAAGTAGTTCGGTATGACAACCTTCTTGTCAGCAGCATTTGCCCTCTGCTGCTGCATTTGCCTCT
TTGCAGTATTTGGTCTGGCTAACACAGGGCTGCTCCTCTGCCTACTACCGCCTCTGTCCATTGCAC
CGAACTGGCTATCCATCTATTCTTTGGTGAGTGCAGATCAGCGGCTATCCAGGAACTGAGATGAAT
AAGAACTTGTGGAATCTGAAGGTTTTTAACAGATCTGAAGTCTTTGTGAGTCCGTGACTGAACTGC
AGATCATCTGCTGTGGAAGAACTGCACCGCAAGTGGCAATACCTTCGATCCTGAAACTTGCATTTT
GGTGATGCCCGTACCACGC

SEQ ID NO: 204, CA165713 SCUTRZ3071B09.g RZ3 Saccharum officinarum clone de cDNA SCUTRZ3071B09 5', sequência de mRNA codifica a SEQ ID NO: 17
GGAGAACGTGCTTGTTCAGGTGGTTCAACAGTGCGGACCAGAGAACAATGCGAGGTTCAGGATTAA
AGGTATTCTGGCTTCAGAGGCAGTTCTTCCAAAGCAAGTGACAGGCGATTCCATCACCGGAGCTAA
GATCTTATTACAACATTCAGAAACACAGGAGTCCTCCCACCGCCTTTCACTTCTTGCTTACTTCTG
CAACCACTCGCCGTGACTGATCTCCACGCACACCAAAGAACACAACACGTGGCAAGCCGATCTAGC
GCGATGGAAGGAGGGGGGCAAATACAGAGGAGGAATAATGCCGTGAAGCGGCACCTGCAGCAGCGG
CAGCAGGAGGCGGATTTCCTCGACAAGAAGGTCATCGCGTCCACCTATTTCAGCATCGAGGCGTTC
CTCGTGCTCGCCTGCCTCACCGTCTCGCTGCTGATACTGCCGCTTGTGCTGCCGNCGCTGCCGGCG
CCGGCGTCGCTGCTGCTGTGGCTGCCGGTCTGGCTGCTCGAACTGCTGATTGTGCTTGCCTTCATG
CCGACAGATGTGCGCAGCATGGCCTCCTCTTACTTGTAAAAAAATAGATAAATAGGCCACCTTTGG
CAATTTTCTGGGGTTTGGAGGTG

SEQ ID NO: 205, complemento reverso de CA242805 SCSFFL3090G07.b Saccharum officinarum FL3 Saccharum officinarum clone de cDNA SCSFFL3090G07 3', sequência de mRNA codifica a ID NO: 18
GATTTTTTCCAAGCCAGTGACCGGCGATTCATCAACCGGAGCTGAGATCTTATACAACATTCAGAA
ACACAGGAGTCCTCGCACCGCTTTCCACTCTTGGCTAATTTTGCAACCACTCGCCGTGACTGATCT
CCACGCACACCAAAGAACACAACACGTGGCAACCCGATCTAGCGCGATGGAAGGAGGGGGGCAAAT
ACAGAGGAGGAATAATGCCGTGAAGCGGCACCTGCAGCAGCGGCAGCAGGAGGCGGATTTCCTCGA
CAAGAAGGTCATCGCGTCCACCTATTTCAGCATCGAGGCGTTCCTCGTGCTCGCCTGCCTCACCGT
CTCGCTGCTGATACTGCCGCTGGTGCTGCCGCCGCTGCCGCCGCCGCCGTCGCTGCTGCTGTGGCT
GCCGGTCTGCCTGCTCATCCTGCTGATTGTGCTGGCCTTCATGCCGACAGATGTGCGCAGCATGGC
CTCCTCTTACTTGTAATAAATAGATAAATAGGCCACCTTGGTCAATATTCTGTGATTTGGAGGTGA
TTCGTCCTGAGATGAGTCTCGATTGATGTCAGCTACTCCCAAGGGGAAATGCATGTAACACTTGGT
GGCCGACGGTGGCAAGATAATCATGCTACCATGTCAGTTAAACC

FIGURA 14 cont.

SEQ ID NO: 206, CX611532 ANR1_25_E08.b1_A002 Anaerobic roots Sorghum bicolor clone de cDNA ANR1_25_E08_A002 3', sequência de mRNA que codifica a ID NO: 19

GCTGTTGGTGTTGTTCTTGAGATCTCTTTCTTGATCTTGTGTGGGATTAAAGAGGGATTCTTGCCT
TCCTACGGGAGAAAGAGAAAAGGGGAAGAACGTGCTTGTTCCGGTGGTTCAACAGTGCGGAGACCC
GGAGAACAATGCGAGGTTCAGGATTAAAGGTGTTCTGGCTTCAGGTGCAGTTCTTCCAAAGCAGGT
GACAGGCGATTCGATCACCGGAGCTCAGATCTGACGAAAACAAAACACAGTCCTCCTCCCACCGCC
TTTCAGTTCTTGCTTACTTCTGCAACCACTCACTGCGACCGTACACCAAAGAACACTGCACATGGC
AAGCCGATCTAGCGCGCTGGAAGGAGGGGGGGCAGCAATACAGCGGAGGAATAATGCCGTGAAGCG
GCACCTGCAGCAGCGGCAGCAGGAGGCGGATTTCCACGACAAGAAGGTCATCGCGTCCACCTACTT
CAGCATCGGCGCGTTCCTGGTGCTCGCCTGCCTCACCTTCTCGCTGCTCATCCTGCCGCTGGTGCT
GCCGCCGCTGCCGCCGCCGCCGTCGCTGCTGCTGTGGCTGCCGGTCTGCCTGCTCGTCCTGCTGGT
TGTGCTGGCCTTCATGCCGACAGATGTGCGCAGCGTGGCGGCCTCTTACTTGTAAATAGCCAGATA
AATAGGCCACCACCTTTGGCCAGTTTTCTGTGTTTTCGGGGGTGATTCGTCCTAAGATGAGTCATG
ATCGAGTGTAATGTGAAGCATCTTTTCCAGGGGTAGTAGATTTCAATGAAGT

SEQ ID NO: 207, NM_115853.3| Arabidopsis thaliana proteína desconhecida (AT3G59900) mRNA, cds completo , que codifica a ID NO: 20

TTGTCTTCCTCATTTCCCTACTAGTACTTGTTTCACACAGTTTCTTGATCCAACCAAAACCAATAC
ACAAAGCTTCTCAAACTCCTTCACCTCAAAGCTTCTTCCTTTACATCTGAATCGTTGAGTTAACTC
GGATTTGTTCTGCATCCTCTGTTTCTGAATCGTGGGCCATCCTTATTTTGTCTCGAATTCTTCACC
AATTGCTTCGATCAAGCTGCATTGGTTAACCAGTTGCCCTAAAGATCAGATCTTTGAGCAAAATTT
TGTCACTGATCTTCTAAATCCAAACCAGACACAGCAAAACAACCTCTGTAGATGATTCGAGAAATC
TCAAACTTACAAAAAGATATTATAAACATTCAAGACAGTTATTCGAACAACCGAGTCATGGACGTC
GGAAGAAACAACCGGAAAAACATGAGCTTTCGAAGTTCGCCGGAGAAAAGCAAGCAAGAGTTACGG
CGGAGTTTCTCGGCGCAGAAAAGGATGATGATCCCGGCGAATTATTTCAGTTTAGAGTCTCTGTTC
CTATTGGTTGGTCTAACGGCATCTCTGTTAATACTTCCGTTAGTTTTGCCGCCGTTACCTCCGCCT
CCGTTTATGCTGCTATTGGTTCCCATTGGGATTATGGTTTTACTCGTCGTTCTTGCCTTCATGCCT
TCTTCTCATTCTAATGCTAATACAGATGTAACTTGCAATTTCATGTAAATCTGAAATTTATTATAT
GATGAT

SEQ ID NO: 208, NM_180078.2| Arabidopsis thaliana proteína desconhecida (AT2G44080) mRNA, cds completo , que codifica a ID NO: 21

CCCACTTTATTTCTTCTTCTCTGGTTTTCTTACCAAAAGAAACTTTCTTCGTCTTCCTCTGTATTT
AAGCTTTAACACCCTGTTTTTGGTTTCCAACGTTCAATCTTCATCTTCTTCTCGCTGAAGGTGTGT
TTGGCTCTAACGGTTTAAAGCTTTCTTGAAACACCAATTGAATCTTTTCTCTCTACCGGCAAAAAA
AAAAGATTAGTCCTTTTAGGTCTGGAAACGCCAAGATCACTCGTTCTAAACCTTAGATTTTGTCTG
CATTTCGGGATAATCATTTCATCGTCAGGGTTCTTCAACCAAACTACATTTACAGAAGAAGAAGAA
GAAGAAAAGTTCGTTACTTTTTATGCGTTTGGATAAACAAACTCAAGTTTCTTCTTCATACATCGA
TCTGATTTTCCAGATCAAACTTCGAAAAGAGAAAAAGCCTTCTTTAAATGATTCGTGAGTTCTCCA
GTCTACAAAACGACATCATAAACATTCAAGAACATTATTCTCTCAACAACAACATGGACGTGAGAG
GAGATCATAACCGGAAAAACACGAGTTTTCGTGGTTCAGCTCCAGCTCCGATTATGGGGAAGCAAG
AATTGTTTCGGACATTGTCGTCGCAGAACAGTCCAAGGAGGCTAATATCAGCGAGTTACTTCAGTT
TAGAATCAATGGTTGTGCTTGTTGGTCTCACAGCATCTCTCTTGATCTTACCGTTGATTCTTCCAC
CATTGCCTCCTCCTCCTTTTATGCTGCTTTTGATTCCTATTGGGATTATGGTTTTGCTTATGGTTC
TTGCTTTCATGCCTTCTTCTAATTCCAAACATGTTTCTTCTTCTTCCACTTTTATGTAATAAACGT
TTCTTTAATTGAAGAAAGAAATCCTTAAACAAA

FIGURA 14 cont.

SEQ ID NO: 209, AY305869.1| Arabidopsis thaliana proteina indutível por auxina(ARGOS) mRNA, cds completo,que codifica a SEQ ID NO: 26

TTGTCTTCCTCATTTCCCTACTAGTACTTGTTTCACACAGTTTCTTGATCCAACCAAAACCAATAC
ACAAAGCTTCTCAAACTCCTTCACCTCAAAGCTTCTTCCTTTACATCTGAATCGTTGAGTTAACTC
GGATTTGTTCTGCATCCTCTGTTTCTGAATCGTGGGCCATCCTTATTTTGTCTCGAATTCTTCACC
AATTGCTTCGATCAAGCTGCATTGGTTAACCAGTTGCCCTAAAGATCAGATCTTTGAGCAAAATTT
TGTCACTGATCTTCTAAATCCAAACCAGACACAGCAAAACAACCTCTGTAGATGATTCGAGAAATC
TCAAACTTACAAAAAGATATTATAAACATTCAAGACAGTTATTCGAACAACCGAGTCATGGACGTC
GGAAGAAACAACCGGAAAAACATGAGCTTTCGAAGTTCGCCGGAGAAAAGCAAGCAAGAGTTACGG
CGGAGTTTCTCGGCGCAGAAAAGGATGATGATCCCGGCGAATTATTTCAGTTTAGAGTCTCTGTTC
CTATTGGTTGGTCTAACGGCATCTCTGTTAATACTTCCGTTAGTTTTGCCGCCGTTACCTCCGCCT
CCGTTTATGCTGCTATTGGTTCCCATTGGGATTATGGTTTTACTCGTCGTTCTTGCCTTCATGCCT
TCTTCTCATTCTAATGCTAATACAGATGTAACTTGCAATTTCATGTAAATCTGAAATTTATTATAT
GATGAT

SEQ ID NO: 210, promotor HMG, variante

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAAAGAGG
CGCATTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACAACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCCAAAAATA
TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCCTCGGCCTTCTCGCAGG
ATTCAGCC

SEQ ID NO: 211, promotor de GOS2 variante

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT

FIGURA 14 cont.

TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGT
CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
TGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGT
ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
TTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTAC
GGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
AAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA
AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
TTCACCAGCAAAGTTC

FIGURA 14 cont.

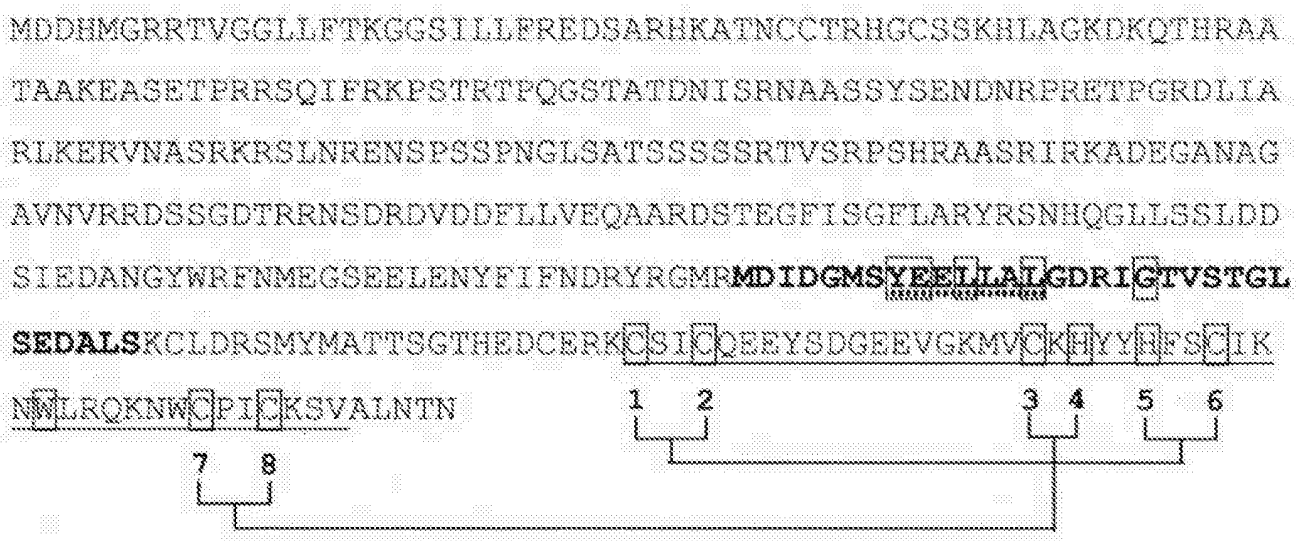


FIGURA 15

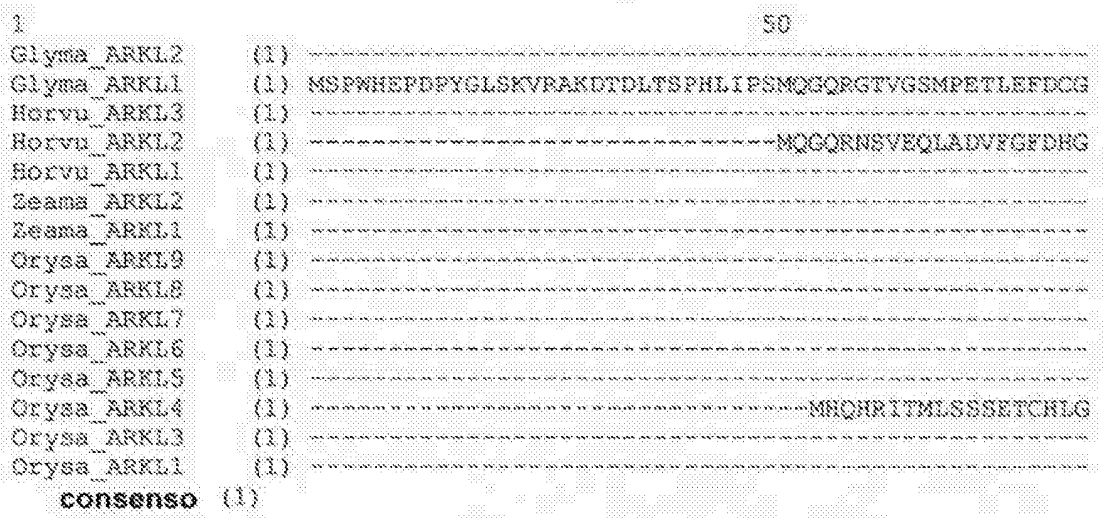


FIGURA 16

```
                          51                                                100
Glyma_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1     (51)  SASGNSTVDQQICWNNVNPAEN----------QIPDYLLSPGDMNSSYQ
Horvu_ARKL3      (1)  ----------------------------------------------------------
Horvu_ARKL2     (21)  SGSGNPVMDQQAYWNSMLGAAES----------QNLQGYEMNRGIGAIPYG
Horvu_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
Zeama_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL7      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL6      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL4     (19)  SSSNNQAMDQQNLLPSNPTADEQNLLPNTLEDDDYFHYLLGSHEVEMPNG
Orysa_ARKL3      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
    consenso    (51)

                         101                                               150
Glyma_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1     (90)  NSIINREWQNLSGWSLGEPSSSNTPNEVNNNEQKRELGWSSTITAGALAG
Horvu_ARKL3      (1)  ----------------------------------------------------------
Horvu_ARKL2     (62)  -GEGHQDQQFLGFWGSGEASSSGNALNIGG----------------------G
Horvu_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
Zeama_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL7      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL6      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL4     (69)  -SVIGQQNTSLNLWDSAGSSSMGCVADHDSLFEAKREHFAPALSIR--AP
Orysa_ARKL3      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
    consenso    (101)

                         151                                               200
Glyma_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1    (140)  PRLEEPRRLEPANALSLDNVNTGP-------MYTRSPNSRLMSQNLNLNAGL
Horvu_ARKL3      (1)  ----------------------------------------------------------
Horvu_ARKL2     (92)  LRIGERRLGAEHSLSLDNVDINLNASGHDLFGQSSNANATSQASQQNAGC
Horvu_ARKL1      (1)  --------MEEYLSRRSETAIGFLRRGSGIN----RSPEETISQNTEVQGRT
Zeama_ARKL2      (1)  ----------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL7      (1)  ----------------------------------------------------MAGHQYNNSQM
Orysa_ARKL6      (1)  ----------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5      (1)  ----------------------------------------------------MARHRGNHSLL
Orysa_ARKL4    (116)  LIIGGRRHEGSSSLPSQSLNLDLN----------L----NQADQFDGED
Orysa_ARKL3      (1)  ---------MEDYPSGRSKAAIGFLRRQGGFSSRNQSTEERTIQNYDGPGIT
Orysa_ARKL1      (1)  ----------------------------------------------------------
    consenso    (151)
```

FIGURA 16 cont.

```
                        201                                                 250
Glyma_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1   (184)  ADNQSDNSQHLELPNLNKSSGSSNECIPPNVGSGSFLLPSGNNQPLVEDT
Horvu_ARKL3     (1)  ------------------------------------------------------------
Horvu_ARKL2   (142)  SRADTTAQATELRLHPYRTPGLDDEQPEPFPSLNAFERPLGNFSLMPEDI
Horvu_ARKL1    (41)  SRVNPMKTRLVDNQERPRYLRGSYKYASSNVMSGSSSKFPKKFPLRKPGE
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8     (1)  -------MLQRNMVWTHQVASPENQVQPESFYHGGAGSNLSHLSVQVAVGV
Orysa_ARKL7    (12)  SRMDHMDR---LNNEPPPFGQKLFMRPRSDPANGAGSSGYVGNTMRSNDL
Orysa_ARKL6     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5    (12)  PEMVQPNNE--QLNQPLPLGQKLFVHAGNDAALKIGPSYHGNVAIRSNDL
Orysa_ARKL4   (151)  VDMIQSNGQPGINAFPLNRGLSIPEHVLRHTNSSSATGNPSQVASFSDGM
Orysa_ARKL3    (44)  TRLNPMRTRLSDNQERPRYLRDSFRSSTSMAIHGSSS-----KVPLRKPGD
Orysa_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------------
   consenso    (201)

                        251                                                 300
Glyma_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1   (234)  DGRPGCSHDTRRVSCKRKAVEGNNGQSSDAGSSSYSQNTDGSAWHTIPTQ
Horvu_ARKL3     (1)  ----------------------------------------------------MDEHMGR
Horvu_ARKL2   (192)  DQRPGSSLDGRPLACKRKNIEGVHGQFSAGASTSFSHRNDNAFHSVPSSS
Horvu_ARKL1    (91)  EKPRQTLLEGADVAESSRRKSDVGCLEGS-KETTVENQGSSDAPQTETEGL
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8    (45)  PGNTDFRSHYESINLQHQHVQNPYPHVGVASSSVFPSTMYNPCISTTAVD
Orysa_ARKL7    (59)  PSSSYAGQAYGQ--QNRAPIHASYSGHAPAGSSSGSYAPYNTQHMPASSY
Orysa_ARKL6     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5    (60)  PSSSRVAQYSGHRVENTGTLHNSY-VHYPAGSSGG-HVSYNPQTEPVITY
Orysa_ARKL4   (201)  TGQEVNLFGGHRSSCKRKNIDGSLAESSANGSSRNNQRNNIILEPSPSSH
Orysa_ARKL3    (90)  EKRRQTLLAGVDIAESSSRNAGGKHLEGSNKRIVVDDRSSDVLHTETEGL
Orysa_ARKL1     (1)  ----------------------------------------------------MDDHMGR
   consenso    (251)

                        301                                                 350
Glyma_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Glyma_ARKL1   (284)  VNAGSSSRRS---------ISSEQVNARLGLGMGDGASENVPDSNIAGSSE
Horvu_ARKL3     (8)  RTVGGLLFTKGGSILLFREDS-SRRRAGACCPRNGCNGTRHSTDKGRPTP
Horvu_ARKL2   (242)  FNPAPGFNVSSHNFLLAPSSIEEQLPNYGTTTGMSSVSYNPPSGQNNSSG
Horvu_ARKL1   (140)  TAKDDELIAPDPEVSHSAGSSGIPANTDGSLIRSASLSSETHRQKNKELN
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL8    (95)  RYVPFIQSFGLGNPLLLPLYHQLAQGSMDENGSSGNFCDSVRRFIKRFNA
Orysa_ARKL7   (107)  PHGSEDNFIP----------SSHVDGRRVALKRRNPIIHPTDGFGVGNYYA
Orysa_ARKL6     (1)  ------------------------------------------------------------
Orysa_ARKL5   (108)  PHRSEGEFARG---------SSQIDNRTAAVERRNPVIYPEYSINGDGYCA
Orysa_ARKL4   (251)  ESTSGLTAPAPTNHVFSYSPVEQLNQNTNMSANAMLSDHYSLYG-DHEPE
Orysa_ARKL3   (140)  ATEQDQLIAPNAGVSDSASSSDISERAVESLVRSAAPSSRTRRQKDKELN
Orysa_ARKL1     (8)  RTVGGLLFTKGGSILLFREDS-ARHKATNCCTRHGCS-SKHLAGKDKQT-
   consenso    (301)
```

FIGURA 16 cont.



FIGURA 16 cont.

```
                        501                                                 550
Glyma_ARKL2    (18)  NALDLGLDTELHAADSLRQLRLRHYYLRRHHPERASDRIDGRYRRSFVSE
Glyma_ARKL1   (448)  HFVFVPATDLRNLVQNPTVRASSSSSENLSIPGNVASSSRTGSNPATN-P
Horvu_ARKL3   (170)  RKADEGENAGGARRAPFRDTGGGVGAR--RNSDDFVMVGQRAAR--------
Horvu_ARKL2   (402)  FPNAAFHSALNMRHLVFELSNWNFDIPGATIPGNVSSVSRANATSTISRP
Horvu_ARKL1   (312)  RSRSRNIQDSAVSVRTRRTSPRDTRFRMSEETEDSVLHLNESNAGNQQSV
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9    (71)  HGGDYAASDGGSYEFDEEGEGSDFEDEDGDGDGDGEALDEDEEVADADAD
Orysa_ARKL8   (253)  PPG---GFVHSGTTIDMFNGGLQGYQAGPFANYYGFLPHFHQNFLNSMQHP
Orysa_ARKL7   (267)  RPYYPAPQSTNISAPVPTLPISCDSAPFAHGGYAPRSAHRNNLRTYPPPA
Orysa_ARKL6   (104)  RSARGGGGGGGGGVAPPGPAPAAAGDVWCTCAPGIPFAAEASSVDCVVVA
Orysa_ARKL5   (252)  MPYTMG--SSNSSVPVPTLQGSSSSAIFASGVFAPRHVHGDTVPSYIHLP
Orysa_ARKL4   (450)  VNIGAQQIAGLNASQPTSSSRGSVDIVRRSLQAASVPQSRGSSITSQQQR
Orysa_ARKL3   (310)  RSR-RNFQDSAVSVRTRRP--PWGARFRISEEREDGMISQRDSSIGNQQSD
Orysa_ARKL1   (165)  RKADEGANAGAVN--VRRDSSGDTPPNSDRDVDDFLLVEQAAR--------
   consenso   (501)

                        551                                                 600
Glyma_ARKL2    (68)  SVDSEENVRSSLRGSS-------------------------------------
Glyma_ARKL1   (497)  SSATTFSRSNPPQ-HPRRLSEYVRRSLFSPSSDAIGSPSHNYSSLRSGLS
Horvu_ARKL3   (212)  --EQAPTEGFISG--------FLAR-------------------------------
Horvu_ARKL2   (452)  AGSTSIAHQNLHRRHPRNLSEEIGRLSG-----------------------------
Horvu_ARKL1   (362)  GADFSVERGSSERSIRPVSVELPHAIYS-----------------------------
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9   (121)  AAGDPAELDPARYEIDEAFARALQDAEE-----------------------------
Orysa_ARKL8   (300)  ALFNHIQMQVPHQHCLSNNLLHHP---------------------------------
Orysa_ARKL7   (317)  FASSSNPGAVSHEPAIPSYPPAAPSYP-------------------------------
Orysa_ARKL6   (154)  RHHHAHHTAAAMGSGRR--GEAERPHRE-----------------------------
Orysa_ARKL5   (300)  SVASSSSTAIPHEVIIPSYQPATS-----------------------------------
Orysa_ARKL4   (500)  GHSSTSHEIRSHQPGSS--SPANQQHYV-----------------------------
Orysa_ARKL3   (358)  QVHSSSEEASTESSSRPFSAELPHAIYS-----------------------------
Orysa_ARKL1   (206)  ----DSTEGFISG--------FLAR-------------------------------
   consenso   (551)

                        601                                                 650
Glyma_ARKL2    (84)  -----SERLPVGVVLARARLLQRLRGEPLSTNRQYDRDSFGEDP--------
Glyma_ARKL1   (546)  TSEPRALSSGSGANPRSASWLERQGDSEFGIPYSLRTLAVASEGGSSRLV
Horvu_ARKL3   (227)  ----YRGSLQGG-------------------SSLQDGTEDSSGYWRFDVEGS
Horvu_ARKL2   (480)  -------ALRSQQHPRLRSGFLIERQGDGVWGVPLPMRNSREG--------RRL
Horvu_ARKL1   (390)  ----SSPQGSSTRTAPR-TSTSRFEQSPPQTFRSLARERGGHRPINMEGI
Zeama_ARKL2     (1)  ------------------------------------------------------
Zeama_ARKL1     (1)  ------------------------------------------------------
Orysa_ARKL9   (149)  -------REVAGRLMALAGLSDWRVMDHDDDDVDDDDDEDDDIDGDD-------
Orysa_ARKL8   (324)  -------S-GNGLPLDPRILAISSNSGHTFGPTAQPSLANQVNAGSSRIQPY
Orysa_ARKL7   (344)  ----PATSAAGSSVQPFHAEAAAHLRHPRHVSVGGSGGSARSRRMRDSYHGF
Orysa_ARKL6   (180)  -----RPAAPRARRVTMKEHISSSLMDSPFFPDMPLLNADLLP-------PPP
Orysa_ARKL5   (324)  ----ATTSTPMRASQFLPVRAVASSRHARNVLIGHANSGRNPPARSSYYGI
Orysa_ARKL4   (526)  -----RAVPHSVDRQNSNYLDLQSFMQSIAASRDGIRTVSESA-------NQL
Orysa_ARKL3   (386)  -----SRGEGSNAFTAPPRRSSSLYEERPPQTFHDLFRERNGRRHISIEGI
Orysa_ARKL1   (219)  ----YPSNHQGLL----------------SSLDDGISDANGYWRFNMEGS
   consenso   (601)                                S
```

FIGURA 16 cont.

```
                    651                                                 700
Glyma_ARKL2  (123)  ------------------------------------E-----------------
Glyma_ARKL1  (596)  SELRNVLGLMRRGGNVRFEGKTAYNIPPPYLRIAKSLNAMGAIMASKLVQ
Horvu_ARKL3  (256)  EE--------------------------------------------------
Horvu_ARKL2  (519)  MEIRNALEMIQRGENVRFE-----------------------------------
Horvu_ARKL1  (435)  AEVLLVLERIEQEAELTYEQLR---------------------------------
Zeama_ARKL2    (1)  MEIRNALEMIHRGENVRLE---------------------------------
Zeama_ARKL1    (1)  ----------------------------------------------------
Orysa_ARKL9  (188)  D-----------------------------------------------------
Orysa_ARKL8  (368)  EN-----------------------------------AF--------------
Orysa_ARKL7  (391)  NHLMIEDNNLGRSA-----------------------------------------
Orysa_ARKL6  (221)  SGRNPHGYRHPHVGAAEEEIN----------------------------------
Orysa_ARKL5  (371)  QPLMID----------------------------------------------
Orysa_ARKL4  (567)  VHLRNVVEQIRQGRGGRFEDP-----------------------------------
Orysa_ARKL3  (432)  AEVLLALDRIEQEAELTYEQLM---------------------------------
Orysa_ARKL1  (249)  EE--------------------------------------------------
   consenso  (651)    L

                    701                                                 750
Glyma_ARKL2  (124)  ------------------------------SESSNEDPSGASLVTELTSQM
Glyma_ARKL1  (646)  SLYRSNSKNIITCPAPMQDVVILDHQSFLSGIADVRDPHRIMRLDVDNMS
Horvu_ARKL3  (258)  ----------------------------LENYFMLSDRHRAMRMDIDGMS
Horvu_ARKL2  (538)  --------------------------SIFYGGVEIHDRHRDMRLDIDNMS
Horvu_ARKL1  (457)  ------------------------VLETNLLLGAFTSHDHHSDMRMDIDNMS
Zeama_ARKL2   (20)  ----------------------------SIFYGGVDIHDRHRDMRLDIDNMS
Zeama_ARKL1    (1)  ------------------------MFQTRVLLGGMNMYDRYQDWRLDVDNMT
Orysa_ARKL9  (189)  ----------------------------EDEDGDDPQDAWEDVDPDEYS
Orysa_ARKL8  (372)  ------------------------FVDLSRLYEAGVIDEHRDMRLDVDSMT
Orysa_ARKL7  (405)  --------------------AERFMMLDQLVIHESREAFDPHWDMRLDIDDMS
Orysa_ARKL6  (242)  ----------------------MLRTRLLWGRFGMHDQHQDWRLDVDNMT
Orysa_ARKL5  (377)  ----------------AQQLIMMQQFALRESREAQDPHRAMRLDIDNMS
Orysa_ARKL4  (588)  ----------------------NFERALFARRASLIDRHRDMRLDVDNMS
Orysa_ARKL3  (454)  ----------------------VLETNILLGAFTSHDQHSDMRMDIDNMS
Orysa_ARKL1  (251)  ------------------------------LENYFIFNDRYEGMRMDIDGMS
   consenso  (701)                              IL     I D HRDMRLDIDNMS

                    751                                                 800
Glyma_ARKL2  (145)  AR---SQFLQELSTKPPGLTQEALDCLHQEVFSSNASEIG--LDSRVLQD
Glyma_ARKL1  (696)  Y-EELLALEERIGNVSTGLSEETVLKHLKQREHSAE---K-GFQ-IDAEP
Horvu_ARKL3  (280)  Y-EELLALGDRIGTVNTGLSEDALYKCLKRSLYTPTAP---ETHLDCDRK
Horvu_ARKL2  (562)  Y-EELLALEERIGNVSTGLTENDVMKLLKQRKFSSW---R-LSS-MEFEP
Horvu_ARKL1  (485)  Y-EELLALEERIGFVSTALSEEQFAKCIRRRLYRFVAAKG-NKTAIDDIK
Zeama_ARKL2   (44)  Y-EELLALEERIGNVGTGLSEEAVIRLLKQRKFSSW---T-LKASLDPEP
Zeama_ARKL1   (29)  Y-EELLELGDKIGYVNTGLRDDEITRNLRKVKHPSFSS-L-RFATEMERK
Orysa_ARKL9  (210)  Y-EELVALGEVVGTESRGLSADTLASLPSITYRAQDKQDG------NMEQ
Orysa_ARKL8  (399)  Y-EELVALEERIGNVNSGFTESYIEENLKSSSYVPEADCMPDQSSVEKDA
Orysa_ARKL7  (438)  Y-EELLALEERIGHVNTGLADEKISGCVMEVACCSSSH---LQDDQDNER
Orysa_ARKL6  (270)  Y-EELLDLEDRIGYVSTGLHDDEIARSLRMVEYSAFNP-K-HFATEVERN
Orysa_ARKL5  (410)  Y-EDLLALGESIGNVCTGLVDEKISGCVREVIYCSSDE---QQNDQDDGK
Orysa_ARKL4  (616)  Y-EELLALGERIGYVNTGLSEDKIRTGLKQWKYVSIPI-E-EPLTGVEP-
Orysa_ARKL3  (482)  Y-EELLALGDRIGSVSTALSEEQFVKCLRRSIYIPVATKA-NAQVVDDIK
Orysa_ARKL1  (273)  Y-EELLALGDRIGTVSTGLSEDALSKCLDRSMYMATTS---GTHEDCERK
   consenso  (751)  Y EELLAL ERIG V TGLSEE I K LK   Y S          DD
```

FIGURA 16 cont.

```
                          801                                                850
Glyma_ARKL2   (190) CSICLESFTDGDELIRLPCGHKFHSVCLDPWIRCCGICPYCRRCIVVNTH
Glyma_ARKL1   (740) CCVCQEDYGDEDDIGTLDCGHDFHSSCIKQWLMHKNLCPICKTTGLAT--
Horvu_ARKL3   (326) CSICQEEYSGGEEVGNMACKHYYHITCIQHWLRQKNWCPICKSVAAKTV-
Horvu_ARKL2   (606) CCICQEDYVEGDDLGTLHCGHDFHASCISQWLVVKNLCPICKSTALKT--
Horvu_ARKL1   (533) CSICQEEFVKGEEVGRLRCEHQYHVCCIRQWLLQKNWCPVCKAPALPSMN
Zeama_ARKL2    (89) CCICQEEYADGDDLGRLDCGHDFHAGCIKQWLVVKNVCPICKSTALEKT-
Zeama_ARKL1    (76) CSICQEEFETNEEMGRLDCGHSYHVYCIKQWLSQKNICPVCKTAVSKN--
Orysa_ARKL9   (253) CVICRVEFEEGESLVALPCKHSYHSECINQWLQLNKVCPMCSAEVPTSQD
Orysa_ARKL8   (448) CIICQEEYEAKELVGTLGCGHKYHAMCIKGWLMVKNLCPICKTTALPADR
Orysa_ARKL7   (484) CVICLEEYKHEDTLGRLKCGHGFHCNCIKKWLQVKNTCPVCKAAAADEGS
Orysa_ARKL6   (317) CSICQEEFEANEETGRLICGHSYHVQCIKQWLSRKNTCPVCKTVVSKT--
Orysa_ARKL5   (456) CAICLEEYKDNSLLGILKCNHDFHTDCVKKWLKERNSCPICKSAAA----
Orysa_ARKL4   (662) CCICQEEVAEGEDMGRLDCGHDFHTACIKQWLVIKNLCPICKNTGLGT--
Orysa_ARKL3   (530) CSICQEEYIEGEEVGRLGCEHQYHVCCIHQWLRQKNWCPICKASAEPSTV
Orysa_ARKL1   (319) CSICQEEYSDGEEVGKMVCKHYYHFSCIKNWLRQKNWCPICKSVALNTN-
    consenso  (801) CSICQEEY DGEELGRL CGH YH  CIKQWL  KN CPICKS AL T

                          851
Glyma_ARKL2   (240) SSLNEDE
Glyma_ARKL1   (788) -------
Horvu_ARKL3   (375) -------
Horvu_ARKL2   (654) -------
Horvu_ARKL1   (583) -------
Zeama_ARKL2   (138) -------
Zeama_ARKL1   (124) -------
Orysa_ARKL9   (303) TRA----
Orysa_ARKL8   (498) RNG----
Orysa_ARKL7   (534) -------
Orysa_ARKL6   (365) -------
Orysa_ARKL5   (502) -------
Orysa_ARKL4   (710) -------
Orysa_ARKL3   (580) S------
Orysa_ARKL1   (368) -------
    consenso  (851)
```

FIGURA 16 cont.

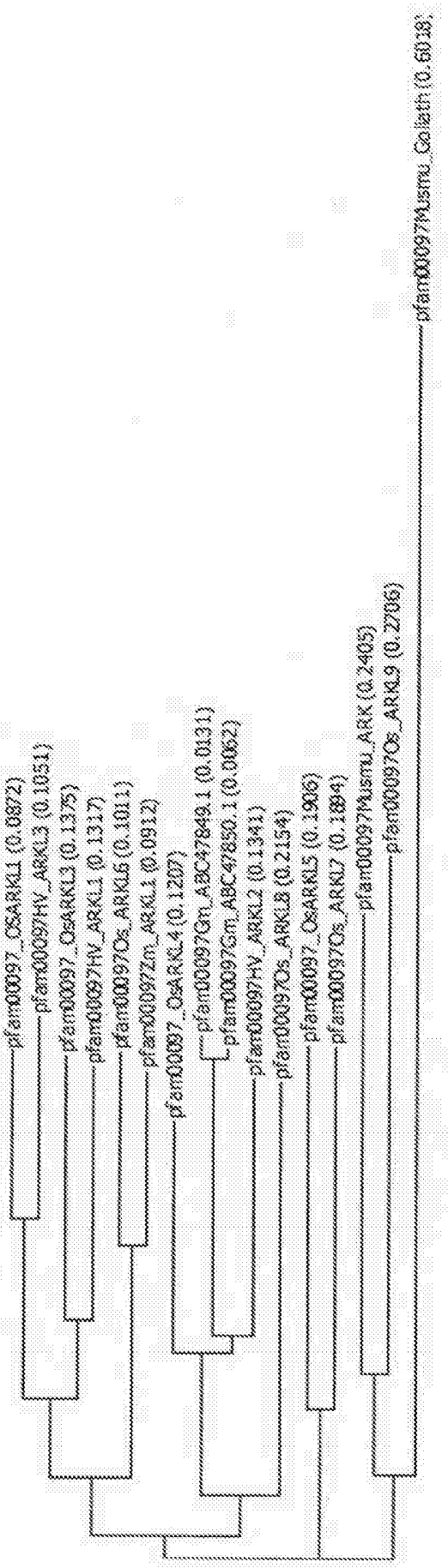

pfam00097_OsARKL1 (0.0872)
pfam00097HV_ARKL3 (0.1051)
pfam00097_OsARKL3 (0.1375)
pfam00097HV_ARKL1 (0.1317)
pfam00097Os_ARKL6 (0.1011)
pfam00097Zm_ARKL1 (0.0912)
pfam00097_OsARKL4 (0.1207)
pfam00097Gm_ABC47849.1 (0.0131)
pfam00097Gm_ABC47850.1 (0.0062)
pfam00097HV_ARKL2 (0.1341)
pfam00097Os_ARKL8 (0.2154)
pfam00097_OsARKL5 (0.1906)
pfam00097Os_ARKL7 (0.1884)
pfam00097Musmu_ARK (0.2405)
pfam00097Os_ARKL9 (0.2706)
pfam00097Musmu_Goliath (0.6018)

FIGURA 17

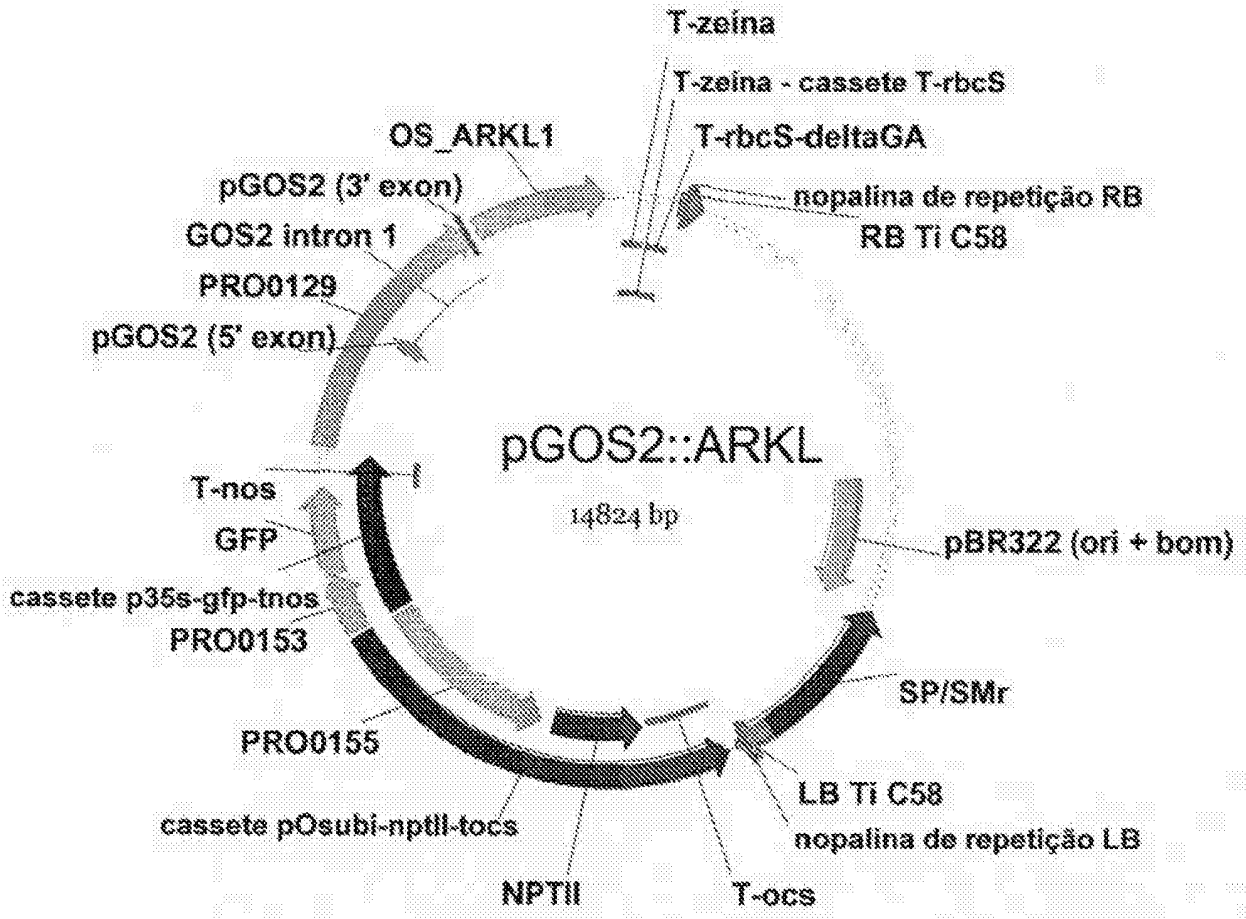

T-zeína
T-zeína - cassete T-rbcS
OS_ARKL1
T-rbcS-deltaGA
pGOS2 (3' exon)
nopalina de repetição RB
GOS2 intron 1
RB Ti C58
PRO0129
pGOS2 (5' exon)
pGOS2::ARKL
14824 bp
T-nos
GFP
pBR322 (ori + bom)
cassete p35s-gfp-tnos
PRO0153
SP/SMr
PRO0155
LB Ti C58
nopalina de repetição LB
cassete pOsubi-nptII-tocs
NPTII
T-ocs

FIGURA 18

SEQ ID NO: 212 - DNA - Oryza sativa

ATGGATGATCACATGGGAAGACGGACAGTTGGTGGCCTTCTCTTCACCAAGGGGGGCTCAATTCTTCT
CTTCAGAGAAGACAGTGCGCGTCACAAGGCCACCAATTGCTGCACGCGACACGGTTGCAGCAGCAAGC
ATTTGGCCGGCAAAGACAAGCAAACACACAGGGCAGCAACAGCAGCCAAGGAAGCATCAGAAACCCCT
CGGAGATCACAGATTTTCAGGAAACCCAGCACGAGGACTCCTCAGGGAAGTACTGCTACTGATAACAT
CAGCAGGAATGCAGCAAGCTCCTATAGCGAAAACGACAATAGGCCAAGAGAAACTCCAGGGCGTGATT
TAATCGCTCGTCTCAAAGAGAGGGTCAATGCATCAAGAAAACGATCATTGAACAGAGAAAACAGTCCA
TCATCACCAAATGGATTAAGTGCTACTTCCTCAAGTAGTAGCCGCACAGTCTCAAGACCGTCGCATCG
GGCAGCTTCCCGAATAAGGAAGGCAGATGAAGGTGCAAATGCAGGAGCTGTAAATGTACGCAGAGACA
GCAGTGGAGATACCAGGAGGAATTCAGATAGGGATGTCGATGATTTCTTGCTAGTTGAGCAGGCAGCA
AGAGATAGCACTGAAGGATTCATATCTGGATTCTTGGCAAGATACAGAAGTAATCATCAGGGACTACT
TTCATCTTTGGACGACAGCATAGAGGATGCAAATGGGTACTGGCGCTTCAATATGGAAGGAAGTGAAG
AGCTTGAGAACTACTTCATATTCAATGATCGGTACAGAGGGATGAGAATGGACATTGACGGCATGTCT
TATGAGGAATTGCTAGCATTGGGAGATAGAATTGGCACCGTAAGCACTGGCCTTTCAGAAGACGCGCT
GTCCAAGTGTCTAGACAGAAGCATGTACATGGCCACTACTTCAGGAACTCATGAAGATTGTGAGAGAA
AATGCAGCATATGCCAGGAGGAATATTCAGATGGTGAGGAGGTGGGCAAGATGGTCTGCAAACATTAC
TACCACTTCTCCTGCATAAAGAACTGGCTCCGGCAGAAGAACTGGTGTCCCATTTGTAAATCCGTCGC
TCTGAATACCAACTAG

SEQ ID NO: 213 - protein - Oryza sativa

MDDHMGRRTVGGLLFTKGGSILLFREDSARHKATNCCTRHGCSSKHLAGKDKQTHRAATAAKEASETP
RRSQIFRKPSTRTPQGSTATDNISRNAASSYSENDNRPRETPGRDLIARLKERVNASRKRSLNRENSP
SSPNGLSATSSSSSRTVSRPSHRAASRIRKADEGANAGAVNVERDSSGDTRRNSDRDVDDFLLVEQAA
RDSTEGFISGFLARYRSNHQGLLSSLDDSIEDANGYWRFNMEGSEELENYFIFNDRYRGMEMDIDGMS
YEELLALGDRIGTVSTGLSEDALSKCLDRSMYMATTSGTHEDCERKCSICQEEYSDGEEVGKMVCKHY
YHFSCIKNWLRQKNWCPICKSVALNTN

SEQ ID NO: 214 - DNA - Oryza sativa

ATGGATGATCACATGGGAAGACGGACAGTTGGTGGCCTTCTCTTCACCAAGGGGGGCTCAATTCTTCT
CTTCAGAGAAGACAGTGCGCGTCACAAGGCCACCAATTGCTGCACGCGACACGGTTGCAGCAGCAAGC
ATTTGGCCGGCAAAGACAAGCAAACACACAGGGCAGCAACAGCAGCCAAGGAAGCATCAGAAACCCCT
CGGAGATCACAGATTTTCAGGAAACCCAGCACGAGGACTCCTCAGGGAAGTACTGCTACTGATAACAT
CAGCAGGAATGCAGCAAGCTCCTATAGCGAAAACGACAATAGGCCAAGAGAAACTCCAGGGCGTGATT
TAATCGCTCGTCTCAAAGAGAGGGTCAATGCATCAAGAAAACGATCATTGAACAGAGAAAACAGTCCA
TCATCACCAAATGGATTAAGTGCTACTTCCTCAAGTAGTAGCCGCACAGTCTCAAGACCGTCGCATCG
GGCAGCTTCCCGAATAAGGAAGGCAGATGAAGGTGCAAATGCAGGAGCTGTAAATGTACGCAGAGACA
GCAGTGGAGATACCAGGAGGAATTCAGATAGGGATGTCGATGATTTCTTGCTAGTTGAGCAGGCAGCA
AGAGATAGCACTGAAGGATTCATATCTGGATTCTTGGCAAGATACAGAAGTAATCATCAGGGACTACT
TTCATCTTTGGACGACAGCATAGAGGATGCAAATGGGTACTGGCGCTTCAATATGGAAGGAAGTGAAG
AGCTTGAGAACTACTTCATATTCAATGATCGGTACAGAGGGATGAGAATGGACATTGACGGCATGTCT
TATGAGGAATTGCTAGCATTGGGAGATAGAATTGGCACCGTAAGCACTGGCCTTTCAGAAGACGCGCT
GTCCAAGTGTCTAGACAGAAGCATGTACATGGCCACTACTTCAGGAACTCATGAAGATTGTGAGAGAA
AATGCAGCATATGCCAGGCAAGAATATTCAGATGGTGA

FIGURA 19

SEQ ID NO: 215 - proteína - Oryza sativa

MDDHMGRRTVGGLLFTKGGSILLFREDSARHKATNCCTRHGCSSKHLAGKDKQTHRAATAAKEASETP
RRSQIFRKPSTRTPQGSTATDNISRNAASSYSENDNRPRETPGRDLIARLKERVNASRKRSLNRENSP
SSPNGLSATSSSSSGRTVSRPSHRAASRIRKADEGANAGAVNVRRDSSGDTRRNSDRDVDDFLLVEQAA
RDSTEGFISGFLARYRSNHQGLLSSLDDSIEDANGYWRFNMEGSEELENYFIFNDRYRGMRMDIDGMS
YEELLALGDRIGTVSTGLSEDALSKCLDRSMYMATTSGTHEDCERKCSICQARIFRW

SEQ ID NO: 216 - DNA - Oryza sativa

ATGGAGGATTATCCAAGTGGGAGATCAAAAGCAGCTATTGGATTTCTCAGAAGAGGTGGTGGTTTCTC
TTCGAGAAATCAAAGCACTGAAGAGAGGACCATTCAGAACTATGATGGACCAGGAATCACCACAAGAC
TCAATCCGATGAAAACCAGGCTGTCTGATAATCAGGAGAGACCAAGATACCTACGTGACTCATTCAGA
TCTTCAACCTCAATGGCCATTCATGGAAGCTCTTCCAAAGTTCCGCTTAGGAAATTCGGTGACGAAAA
ACGAAGGCAAACGTTGTTGGCAGGGGTAGACATTGCTGAAAGTAGCAGCAGAAATGCTGGGGGCAAAC
ATCTGGAGGGTAGTAATAAGAGAATCGTTGTCGATGATAGGAGTTCAGATGTTCTGCATACTGAAACA
GAAGGCTTGGCTACTGAACAAGACCAATTGATAGCACCCAATGCTGGAGTTTCTGATTCTGCTAGTTC
GTCAGATATTTCTGAACATGCAGTTGAATCCTTGGTAAGGAGTGCTGCTCCAAGTTCTAGAACCCGTA
GACAGAAGGACAAAGAATTGAATTTGGGTCAATCAGGAGTTTGCTCTTCGTCATGTACTAACAGGCCT
ACTATATCAAGATATGCTCCTGCCGATGTGAAGCGACCGTGTAATCATGCTAGCGGAGTACAACAGCA
TGGTCATAACAATCTGGACTGTACTTCAGTACCTAATTTTCTGCCATCAGGTTGCTCATCTGGTTCTG
TTTATAGCAGGAGGTTTGATGCAATGAGAAAAAGGACTTCTGATGGGGGAAGTTTTTCTAGATCAAGG
GGCTTAAGTGGAACGGCTAGCTTAGACGATTCACCTCCTGCATACCCTGCCATTGCTGGTCCTAGAAT
CAGAACAACTACAACTGAACGGGCTTCACAACAAAATGCACTAAGAAGCAGAAGGAATTTTCAGGATT
CAGCAGTGTCAGTAAGGACAAGAAGACCTCCTTGGGGTGCTAGGTTCAGGATCTCTGAGGAAAGAGAG
GATGGCATGATTTCTCAGCGTGATTCTTCCATAGGGAATCAACAGTCAGATCAGGTGCATTCATCTTC
GGAAGAGGCCTCTACAGAGAGCTCCTCAAGACCATTCTCTGCAGAATTACCTCATGCAATTTACTCAT
CTAGAGGAGAGGGATCAAATGCTTTCACTGCAAGGAGAAGAAGATCAAGCTCCCTTTATGAGGAAAGA
CCTCCACAGACATTCCATGATCTTTTCAGAGAAAGAAATGGCCGAAGACACATATCCATAGAAGGAAT
TGCAGAGGTATTACTAGCTCTGGACAGGATTGAACAAGAAGCAGAACTGACTTATGAGCAATTGATGG
TGTTGGAGACAAATATATTGCTTGGTGCTTTCACCTCCCATGATCAGCATAGTGACATGCGCATGGAT
ATCGACAACATGTCCTATGAGGAATTATTAGCATTAGGAGACAGAATAGGCTCTGTTAGCACCGCTCT
TTCTGAGGAGCAATTTGTGAAATGCCTCAGAAGAAGTATATATATACCAGTGGCTACAAAAGCAAACG
CGCAAGTTGTAGACGACATCAAATGCAGCATATGCCAGGAGGAGTACATAGAGGGTGAAGAAGTTGGA
CGGCTGGGATGTGAGCATCAGTACCATGTGTGCTGCATTCACCAGTGGCTCAGGCAGAAGAACTGGTG
TCCAATATGCAAAGCTTCAGCTGAACCTTCTACTGTGAGCTAA

SEQ ID NO: 217 - proteína - Oryza sativa

MEDYPSGRSKAAIGFLRRGGGFSSRNQSTEERTIQNYDGPGITTRLNPMKTRLSDNQERPRYLRDSFR
SSTSMAIHGSSSKVPLRKFGDEKRRQTLLAGVDIAESSSRNAGGKHLEGSNKRIVVDDRSSDVLHTET
EGLATEQDQLIAPNAGVSDSASSSDISEHAVESLVRSAAPSSRTRRQKDKELNLGQSGVCSSSCTNRF
TISRYAPADVKRPCNHASGVQQHGHNNLDCTSVPNFLPSGCSSGSVYSRRFDAMRKRTSDGGSFSRSR
GLSGTASLDDSPPAYPAIAGPRIRTTTTERASQQNALPSRRNFQDSAVSVRTRRPPWGARFRISEERE
DGMISQRDSSIGNQQSDQVHSSSEEASTESSSRPFSAELPHAIYSSRGEGSNAFTARRRRSSSLYEER
PPQTFHDLFRERNGRRHISIEGIAEVLLALDRIEQEAELTYEQLMVLETNILLGAFTSHDQHSDMRMD
IDNMSYEELLALGDRIGSVSTALSEEQFVKCLRRSIYIPVATKANAQVVDDIKCSICQEEYIEGEEVG
RLGCEHQYHVCCIHQWLRQKNWCPICKASAEPSTVS

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 218 - DNA - Oryza sativa

ATGCATCAACATAGGATCACTATGCTATCTTCCTCAGAAACATGTCACCTTGGTTCTAGTTCGAACAA
CCAAGCCATGGATCAGCAGAATTTACTGCCCAGCAACCCCACCGCAGATGAACAGAATTTACTTCCAA
ATACTCTAGAGGATGATGATTACCCACATTATTTACTTGGTAGTCATGAGGTGGAAATGCCAAATGGA
AGCGTGATTGGTCAGCAAAATACAAGCTTGAACTTATGGGATTCAGCTGGATCTAGCTCGATGGGCTG
TGTAGCTGATCATGATAGTCTTTTTGAGGCCAAAAGGGAACATTTTGCTCCTGCTTTGTCTATCCGAG
CTCCCTTAATTATTGGAGGGAGAAGACATGAAGGCAGTAGTTCATTGCCTTCACAGAGCTTAAACTTA
GACCTTAATCTTAATCAGGCTGATCAGTTTGATTCTGAGGATGTTGATATGATTCAGAGTAATGGACA
ACCAGGGATAAACGCTTTTCCTCTCAACAGGGGCCTTTCCATTCCTGAGCATGTTCTGCGCCATACAA
ATTCTTCCAGTGCTACAGGAAATCCTTCACAGGTTGCAAGCTTTTCTGATGGAATGACAGGCCAAGAA
GTTAACCTGTTTGGTGGGCATCGTTCATCTTGCAAGAGAAAGAATATTGATGGGAGTCTTGCAGAGTC
TTCTGCCAATGGTAGTTCACGTAATAATCAGCGAAATAATATTATACTGGAACCTTCTCCATCCAGTC
ATGAAAGCACTTCTGGTTTAACTGCACCTGCCCCTACAAACCATGTTTTTTCATACTCTCCTGTGGAA
CAGCTAAACCAGAATACCAATATGTCTGCAAATGCTATGTTGTCTGATCATTATTCACTATATGGTGA
TCATGAGCGTGAGAGATTTCTGAGGAATACCCGGATGAGAACAAGCCCTAATGAGTATGATCAATCAT
CGTCCAATCTCTTGCCTGAAGGAAGTCTCAGGTGTTCTGTTTATCAGCCTACTCAGCAACAGTCTTTG
TTTATTCCAGTACAACCTAGAGCATCGAGCTCTTCAACAAGTTCTCTTAGTCGGCCTTATGTGCCTGC
TGTCACTCAATTCTCACAAAATTTGCACCGTGCTCCATCAAGTGGCAATTTTGGTTCGAGAATAGGGA
TTTTTCCTAGTTCTGCTGATACAACAAACCAGTTATCTTCACAAGATCCCAACAGGAGCTCGGTGAGA
GGCAATTTTCCTGAGCCCCTTCTGTTAGGTTCTTCTCTGTTTCCTTCTGACTCGGCAGAATTGCTATC
TATGCCGGGAGGCAGAAGCAACCAACAAAATTCCAGCTCCACAATTCGAACTGCTGTAAATATAGGAG
CTCAACAGATTGCTGGGTTAAATGCATCCCAGCCTACTTCAAGCTCAAGGGGTTCGGTTGATATTGTT
AGGAGATCCTTGCAGGCTGCTAGCGTTCCTCAGTCCAGAGGTTCAAGCATTACATCACAGCAGCAACG
TGGGCATTCATCCACATCACATGAGATTCGAAGCCATCAACCTGGATCCAGCTCTCGTGCCAATCAGC
AGCATTATGTCAGGGCTGTTCCTCACTCTGTAGATAGGCAAAACTCGAATTACTTGGACCTGCAGTCT
TTTATGCAAAGCATTGCTGCTTCAAGAGACGGAATTAGGACAGTCTCAGAGTCTGCCAATCAACTTGT
GCATCTTCGCAATGTTGTTGAACAAATTCGTCAGGGAAGAGGTGGAAGGTTTGAGGATCCTAATTTTG
AACGTGCACTTTTTGCAAGGCGTGCCAGTTTAATTGACAGACATCGTGACATGCGGCTTGATGTGGAT
AATATGTCATATGAGGAATTGTTGGCACTTGGTGAACGCATTGGGTATGTAAACACTGGACTTAGTGA
GGATAAAATTAGGACTGGTTTGAAGCAATGGAAATATGTGAGCATACCGATTGAAGAACCTCTAACTG
GTGTTGAACCATGCTGTATTTGCCAGGAAGAATATGCCGAAGGTGAGGACATGGGCAGACTAGACTGT
GGGCATGACTTCCACACCGCATGCATCAAACAATGGCTGGTTATAAAAAATCTGTGCCCTATCTGTAA
AAAGACAGGACTGGGCACTTAA

SEQ ID NO: 219 - proteína - Oryza sativa

MHQHRITMLSSSETCHLGSSSNNQAMDQQNLLPSNPTADEQNLLPNTLEDDDYPHYLLGSHEVEMPNG
SVIGQQNTSLNLWDSAGSSSMGCVADHDSLFEAKREHFAPALSTRAPLIIGGRRHEGSSSLPSQSLNL
DLNLNQADQFDSEDVDMIQSNGQPGINAFPLNRGLSIPEHVLRHTNSSSATGNPSQVASFSDGMTGQE
VNLFGGHRSSCERKNIDGSLAESSANGSSRNNQRNNIILEPSPSSHESTSGLTAPAPTNHVFSYSPVE
QLNQNTNMSANAMLSDHYSLYGDHERERFLRNTRMRTSPNEYDQSSSNLLPEGSLRCSVYQPTQQQSL
FIPVQPRASSSSTSSLSRPYVPAVTQFSQNLHRAPSSGNFGSRIGIFPSSADTTNQLSSQDPNRSSVR
GNFPEPLLLGSSLFPSDSAELLSMPGGRSNQQNSSSTIRTAVNIGAQQIAGLNASQPTSSSRGSVDIV
RRSLQAASVPQSRGSSITSQQQRGHSSTSHEIRSHQPGSSSRANQQHYVRAVPHSVDRQNSNYLDLQS
FMQSIAASRDGIRTVSESANQLVHLRNVVEQIRQGRGGRFEDPNFERALFARRASLIDRHRDMRLDVD
NMSYEELLALGERIGYVNTGLSEDKIRTGLKQWKYVSIPIEEPLTGVEPCCICQEEYAEGEDMGRLDC
GHDFHTACIKQWLVIKNLCPICKKTGLGT

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 220 - DNA - Oryza sativa

ATGGCTAGACACCATGGAAACCATTCCCTACTGCCAGAGATGGTTCAACCCAATAATGAGCAACTCAA
CCAACCTCTGCCTTTAGGTCAGAAGTTATTTGTGCATGCTGGAAATGATGCAGCCCTTAAAATTGGCC
CTTCATACCATGGGAATGTGGCAATTAGATCGAATGATCTTCCATCTTCAAGTCGAGTGGCACAATAT
TCAGGTCATAGAGTTAAAAACACAGGAACCTTACATAACTCCTATGTTCACTATCCTGCTGGAAGCTC
TGGTGGCCATGTATCCTACAATCCTCAAACTGAACCTGTTATAACTTATCCACATAGATCTGAGGGAG
AATTTGCTCGAGGGAGTTCCCAAATCGACAACAGAACTGCTGCAGTGAAACGAAAAAATCCTGTCATT
TATCCAGAGTATAGCATCAATGGTGATGGTTATTGTGCCGGTAGCTCATCAAGTACCCAGTTCTCTAA
TTATCCACAGCCAGCTCCATTTTCTGAGTCCTTGCATCGTCAAATGCCTCCAAGTGTTGGCCCAATTA
ATTGGAATGACCAGAGCTTGGTAAATCAAGAAGGAAGTCAGAGAAATGTGAGGGCACGTCATAATTTT
AATAATATTTCATTGGAACCTAGACCAGTCCATTCTACTTCGAATGTTTCCCAAAGTACATCAATGAA
AAGGAATGGACCATCCTTTTCTACGCGAATGAGAACTATGCCTTCAGGTGCCTCTGGAATGCACTCTG
GAGAAATGCCTTACACTATGGGAAGCAGCAACTCATCTGTCCTGTCCCAACTTTACAAGGCTCTTCA
AGCAGTGCAATATTTGCCAGTGGTGTCTTTGCACCTAGGCATGTTCATGGTGACACTGTTCCTAGCTA
CATTCATCTGCCTTCTGTAGCATCCTCTAGCTCTACAGCGATTCCCCATGAGGTGATCATTCCGAGCT
ACCAACCTGCTACCTCTGCAACTACCTCAACACCCATGAGGGCCAGTCAGCCATTACCTGTCAGAGCT
GTTGCATCTTCTAGACATGCAAGGAATGTACTCATAGGGCATGCTAACAGCGGAAGGAACAGAAGGGC
GAGAAGCTCATACTATGGTATTCAGCCTTTGATGATTGATGCACAGCAATTGATAATGATGCAACAAT
TTGCTCTCCGCGAATCAAGAGAAGCACAAGACCCCCACAGGGCCATGAGACTGGACATTGACAATATG
AGTTATGAGGACCTGCTGGCTTTGGGAGAATCTATTGGTAATGTCTGCACAGGCTTGGTGGACGAGAA
AATCTCAGGTTGTGTGAGAGAAGTGATCTATTGCAGTTCTGATGAACAGCAAAATGATCAAGATGATG
GGAAATGTGCAATTTGTCTGGAGGAATACAAAGACAACAGTTTGCTGGGAATACTGAAATGCAATCAC
GACTTCCACACCGACTGCGTCAAGAAGTGGTTGAAGGAGAAGAACTCATGCCCAATTTGCAAGTCGGC
TGCTGCATAG

SEQ ID NO: 221 - proteína - Oryza sativa

MARHHGNHSLLPEMVQPNNEQLNQFLPLGQKLFVHAGNDAALKIGPSYHGNVAIRSNDLPSSSRVAQY
SGHRVKNTGTLHNSYVHYPAGSSGGHVSYNPQTEPVITYPHRSEGEPARGSSQIDNRTAAVKRKNPVI
YPEYSINGDGYCAGSSSSTQFSNYPQPAPFSESLHRQMPPSVGPINWNDQSLVNQEGSQRNVRARHNF
NNISLEPRPVHSTSNVSQSTSMKRNGPSFSTRMRTMPSGASGMHSGEMPYTMGSSNSSVPVPTLQGSS
SSAIFASGVFAPRHVHGDTVPSYIHLPSVASSSSTAIPHEVIIPSYQPATSATTSTPMRASQPLPVRA
VASSRHARNVLIGHANSGRNRRARSSYYGIQPLMIDAQQLIMMQQFALRESREAQDPHRAMRLDIDNM
SYEDLLALGESIGNVCTGLVDEKISGCVREVIYCSSDEQQNDQDDGKCAICLEEYKDNSLLGILKCNH
DFHTDCVKKWLKEKNSCPICKSAAA

SEQ ID NO: 222 - DNA - Oryza sativa

ATGGCTCGCCGCGACGGCGTCGGCGGCGACGGCGGCGCCGTCGGCGGCGGAGCAGCAGCGGAGAGTAGC
GCTGCGTGTGCTGCTGTCCCGTGCGGAGGCTTCCTCGCCGCCGCCGGCGACGGTGGAGGAGGAGGCGC
AGCGGGGGAGGAGCGGTGGTGGTAACAAGGGGCTCGCGTCGGCGGCGCTGCGCGGGCTCGGGTGCACG
TCGACGGCGGCGCTGCGTGCCCACGCGCCGGCTTCGGCGGTGGAGGTGGCGAGTAGCTCGGAGCGGTG
GCACGGGAGGCGGCGGCGGAGGAAGGTGCAGGAGAGGCGGAGCGCGAGGGGCGGCGGCGGAGGAGGAG
GAGGAGGCGTGGCGCCGCCCGGCCCCGCGCCGGCGGCGGCCGGGGACGTGTGGTGCACGTGCGCTCCC
GGGATACCGTTCGCCGCCGAGGCGTCGTCGGTGGACTGCGTCGTGGTGGCGCGCCACCACCACGCCCA
CCACACGGCGGCGGCGATGGGCTCCGGCCGCCGCGGGGAGGCGGAGCGGCGCCACAGAGAGAGGCCGG

FIGURA 19 cont.

CCGCTCCTCGAGCTCGAAGGGTGACCATGCGTGAGCACATATCCTCGTCGCTCATGGACTCGCCGCCG
TTCCCCGACATGCCGCTCCTCAACGCCGACCTGCTACCACCACCACCCTCCGGCCGCCACCGCCATGG
ATACCGCCACCCCCACGTCGGCGCCGCCGAGGAAGAGATCATGATGTTAAGAACACGGCTATTATGGG
GAAGATTCGGTATGCATGATCAGCACCAGGATTGGCGACTCGACGTTGACAACATGACATATGAGGAG
CTGCTGGATCTTGAAGACAGAATTGGGTATGTAAGCACAGGGTTGCATGACGATGAAATCGCTCGCAG
CCTTAGGATGGTCAAGTATTCAGCATTCAACCCCAAGCATTTTGCAACAGAAGTAGAAAGGAATTGCA
GTATTTGTCAGGAAGAATTTGAAGCAAATGAGGAAACAGGGAGGCTGATCTGTGGCCACAGCTATCAT
GTGCAATGCATAAAGCAGTGGCTTTCTAGGAAGAACACCTGCCCTGTCTGCAAAACTGTTGTATCGAA
GACATGA

SEQ ID NO: 223 - proteína - Oryza sativa

MARRDGVGGDGGASAAEQQRRVALRVLLSRAEASSPPPATVEERAQRGRSGGGNKGLASAALRGLGCT
STAALRAHAPASAVEVASSSERWHGRRRRRKVQERRSARGGGGGGGGGVAPPGPAPAAAGDVWCTCAP
GIPFAAEASSVDCVVVARHHAHHTAAAMGSGRRGEAERPHRERPAAPRARRVTMREHISSSLMDSPP
FPDMPLLNADLLPPPPSGRHRHGYRHPHVGAAEEEIMMLRTRLLWGRFGMHDQHQDWRLDVDNMTYEE
LLDLEDRIGYVSTGLHDDEIARSLRMVKYSAFNPKHFATEVERNCSICQEEFEANEETGRLICGHSYH
VQCIKQWLSRKNTCPVCKTVVSKT

SEQ ID NO: 224 - DNA - Oryza sativa

ATGGCTGGACATCAGTATAATAATTCCCAGATGTCCCGGATGGATCATATGGACAGGCTAAACAATGA
ACCTCCACCTTTTGGCCAAAAGTTATTTATGCATCCTAGGAGTGATCCAGCTAACGGAGCTGGATCGT
CTGGCTATGTGGGTAACACAATGAGATCGAATGATCTTCCGTCTTCAAGTTATGCTGGCCAAGCTTAT
GGTCAGCAGAATAGAGCCCCCATCCATGCTTCATATTCTGGTCATGCACCTGCTGGAAGCTCTAGTGG
TAGCTATGCACCATACAATACTCAACATATGCCTGCTTCAAGCTATCCACACGGATCCGAGGATAATT
TCATTCCAAGTTCCCATGTGGATGGCAGAAGGGTTGCATTGAAGAGAAGAAATCCCATCATTCATCCT
ACAGATGGATTCGGTGTTGGAAATTATTATGCTGGCAGTTCTTCCAATACTCAGTTCTCTCGGCCCAT
GCCTCCAAATCCTATTCCACCTCCTGAATCCTGTGTTCGAATGCCCTCACACTTGGGTTCGAACCACT
GGAATGATCACCGCTATGTTAATCATGAAGGATCTCAGAGGAATGTGAGGGGAAGACATGATCATAGT
ACTATCCATTTGGAACAAAGTCCAGCTGCAGCTTGCCCGTCAAGCAGCATCAATGTGCCACCATACCA
TCCAAATGCAAATGGTCCTTTTGGAAGTGCACCAGTACAACGTGACAGAGCTCCTTTATCTGTGCATC
CAAGAATTCTTCCTCCAGGGCCTGATGGTAGTAGCATAGCATTCAGAGAGAGGCCATACTATCCTGCT
CCACAGAGCACCAACATAAGTGCACCTGTGCCAACGCTTCCTATTTCTTGTGACAGTGCACCATTTGC
TCATGGTGGGTACGCCCCTAGATCAGCTCATCGTAACAACTTACGCACTTATCCTCCTCCAGCTTTTG
CATCTTCTTCCAACCCTGGAGCAGTCTCCCATGAGCCAGCTATTCCTAGCTATCCACCTGCTGCCCCT
AGCTATCCACCTGCAACCTCTGCAGCATCATCAAGTGTCCAGCCATTTCATGCTGAAGCTGCTGCACA
TTTGAGGCATCCAAGGCATGTATCTGTAGGGGCAGTGGTAGTGCAAGGAGTAGAAGGATGAGGGATT
CCTATCATGGTTTTCATCATTTGATGATTGAAGACAATAACTTGGGAAGATCAGCAGCTGAGCGGTTT
ATGATGCTGGATCAGTTAGTTATCCATGAATCAAGAGAAGCATTCGATCCTCACTGGGACATGAGACT
GGACATTGATGACATGAGCTATGAGGAGCTGCTGGCTTTGGAAGAACGCATAGGCCATGTGAACACTG
GCCTCGCTGATGAGAAAATTTCTGGCTGTGTGATGGAGGTAGCCTGCTGCAGCAGTAGTCATTTGCAG
GATGATCAGGACAATGAAAGATGTGTAATCTGCCTGGAGGAATACAAGCATGAGGACACACTTGGGAG
GCTGAAATGCGGCCACGGGTTTCACTGCAATTGCATCAAGAAGTGGCTGCAGGTGAAGAACACCTGCC
CAGTTTGCAAAGCTGCTGCCGCAGATGAAGGCAGCTGA

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 225 - proteína - Oryza sativa

MAGHQYNNSQMSRMDHMDRLNNEPPPFGQKLFMHPRSDPANGAGSSGYVGNTMRSNDLPSSSYAGQAY
GQQNRAPIHASYSGHAPAGSSSGSYAPYNTQHMPASSYPHGSEDNFIPSSHVDGRRVALKRRNPIIHP
TDGPGVGNYYAGSSSNTQFSRPMPPNPIPPPESCVRMPSHLGSNHWNDHRYVNHEGSQRNVRGRHDHS
TIHLEQSPAAACPSSSINVPPYHPNANGPFGSAPVQRDRAPLSVHPRILPPGPDGSSIAFRERPYYPA
PQSTNISAPVPTLPISCDSAPFAHGGYAPRSAHRNNLRTYPPPAFASSSNPGAVSHEPAIPSYPPAAP
SYPPATSAASSSVQPFHAEAAAHLRHPRHVSVGGSGSARSERRMRDSYHGFHHLMIEDNNLGRSAAERF
MMLDQLVIHESREAFDPHWDMRLDIDDMSYEELLALEERIGHVNTGLADEKISGCVMEVACCSSSHLQ
DDQDNERCVICLEEYKHEDTLGRLKCGHGFHCNCIKKWLQVKNTCPVCKAAAADEGS

SEQ ID NO: 226 - DNA - Oryza sativa

ATGTTACAAAGAAATATGGTGTGGACACATCAAGTTGCCAGTCCTGAAAACCAAGTTCAACCTGAAAG
TTTCTATCATGGAGGTGCTGGGAGCAACTTATCTAACCTGAGTGTGCAAGTTGCTGTTGGAGTTCCAG
GAAATACTGATTTCCGGAGTCACTATGAGAGCATTAATCTTCAGCACCAGCATGTTCAGAATCCATAC
CCACATGTGGGTGTTGCTTCAAGTTCTGTGTTCCCATCTACTATGTACAACCCCTGCATATCAACAAC
AGCAGTGGACAGATATGTTCCTCCTATTCAAAGTTTTGGATTGGGCAATCCACTACTACTGCCTTTAT
ATCATCAACTTGCTCAAGGATCCATGGATGAGAACGGCAGCAGTGGCAATTTTTGTGACAGCGTCAGG
GAATTTATCAAGAGGAAAAATGCATTACTTGTGGGTGGCCATCATTTTGTTAATAGTTTTGCAAGCTC
AAGCTCATCTGCTTATGTGCCTCCAAATCCTTTACATAGGTCATGGAACGCTTCATTTGAAGCAAATA
TCCTACCCAGCACTGGAGTTTCCAATCCACCAGAGTACTCTTCTGCAGATTCACTGAACAATTCCAAT
TCGATGGCTTCACATCCAGAATTGGTGCATCATGGCAATTATGTATTTCCAGCTGGTCACATGAGCCA
ATACAATGCATGGATTGCACAGGCAAGCAGAACTGGTGGAGTACCACAGTGGGAACATGGCAATGCAG
CGGCTAATCCTCCAGGTGGATTTGTTCATTCTGGAACCATAGACATGCCAAATGGAGGTCTTCAGGGA
TACCAAGCTGGCCCTTTTGCCAATTATTATGGGCCTCTGCCCCATTTCCACCAAAATCCTCTGAATAG
CATGCAGCATCCTGCTCTATTTAATCATATCCAAATGCAAGTACCTCATCAACATTGCCTCAGTAACA
ATTTATTGCATCACCCTTCTGGCAATGGCCTCCCCTTGGATCCAAGAATTCTGGCAATTTCATCCAAT
TCTGGGCATACCTTTGGGCCTACAGCTCAGCCATCTTTAGCAAACCAAGTTAATGCTGGGAGTTCGAG
AATTCAGCCATATGAGAATGCTCCGTTCGTGGATCTTTCGAGATTGTATGAAGCAGGAGTTATTGATG
AACATAGAGATATGCGGCTTGATGTAGACAGCATGACTTATGAGGAGCTTGTAGCGTTGGAGGAGCGG
ATTGGAAATGTTAATAGTGGTTTTACAGAAAGCTACATTGAGGAAAATTTGAAGTCAAGTTCTTATGT
CCCGGACGCTGATTGCATGCCTGATCAGTCTTCTGTGGAGAAGGATGCTTGCATAATCTGCCAGGAGG
AATATGAGGCTAAAGAACTCGTTGGAACCCTTGGTTGTGGTCACAAGTACCATGCGATGTGCATAAAA
GGGTGGCTGATGGTGAAGAACCTGTGCCCCATCTGCAAAACAACAGCTTTGCCAGCTGATAGAAGAAA
CGGATGA

SEQ ID NO: 227 - proteína - Oryza sativa

MLQRNMVWTHQVASPENQVQPESFYHGGAGSNLSNLSVQVAVGVPGNTDFRSHYESINLQHQHVQNPY
PHVGVASSSVFPSTMYNPCISTTAVDRYVPPIQSFGLGNPLLLPLYHQLAQGSMDENGSSGNFCDSVR
EFIKRKNALLVGGHHFVNSPASSSSSAYVPPNPLHRSWNASFEANILPSTGVSNPPEYSSADSLNNSN
SMASHPELVHHGNYVFPAGHMSQYNAWIAQASRTGGVPQNEHGNAAANPPGGFVHSGTIDMPNGGLQG
YQAGPFANYYGPLPHFHQNPLNSMQHPALFNHIQMQVPHQHCLSNNLLHHPSGNGLPLDPRILAISSN
SGHTFGPTAQPSLANQVNAGSSRIQPYENAFFVDLSRLYEAGVIDEHRDMRLDVDSMTYEELVALEER
IGNVNSGFTESYIEENLKSSSYVPDADCMPDQSSVEKDACIICQEEYEAKELVGTLGCGHKYHAMCIK
GWLMVKNLCPICKTTALPADRRNG

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 228 - DNA - Oryza sativa

ATGGACGCCGCCAAGGATACCACCGCCGCCGCCGCCGACCAAAACCCTACCCCCAACCCTCCCACCGC
CGCAGCTCCACCCGATGACTCCGCGGCGGCGGCGGCGGCGGGGAGACGGCCCTTCACCAGCCTCACCC
AGGAGGAGGCCGACCTCGCCCTCGCCCGCGTCCTCCAGGAGCAGGAGCGGGCGTACATGATGCTCAGC
GCGCACCACGGCGGCGACTACGCGGCCTCCGATGGTGGGAGCTACGAGTTTGACGAGGAAGGGGAGGG
GAGCGATTTTGAGGACGAGGATGGGGACGGGGACGGCGACGGGGAGGCGCTGGATGAGGACGAGGAGG
TGGCCGACGCAGACGCAGACGCCGCCGGTGACCCGGCTGAGTTGGACCCCGCGCGGTACGAGGACGAC
GAGGCCTTCGCGCGGGCGCTGCAGGACGCCGAGGAGCGCGAGGTCGCCGGCCGCCTCATGGCGCTCGC
GGGCCTCAGTGATTGGCGAGTGATGGACCATGATGATGACGATGTTGATGATGATGATGATGAGGATG
ATGATGATGATGATGATGATGAAGATGAAGACGGGGATGATCCACAGGATGCATGGGAAGATGTTGAT
CCAGATGAATATTCTTATGAGGAGCTGGTTGCATTGGGTGAAGTAGTTGGTACGGAAAGCAGAGGCCT
CTCTGCTGATACACTTGCTTCATTACCTTCAATAACTTATCGAGCACAAGATAAGCAAGACGGCAACA
TGGAACAATGTGTTATTTGCCGTGTGGAATTTGAGGAAGGTGAATCATTGGTTGCACTTCCTTGCAAG
CATTCATACCATTCTGAATGCATAAACCAATGGCTGCAATTAAATAAGGTATGCCCTATGTGCAGTGC
TGAAGTTCCTACTTCACAGGACACCCGGGCATGA

SEQ ID NO: 229 - proteína - Oryza sativa

MDAAKDTTAAAADQNPTPNPPTAAAPPDDSAAAAAAGRRPFTSLTQEEADLALARVLQEQERAYMMLS
AHHGGDYAASDGGSYEFDEEGEGSDFEDEDGDGDGDGEALDEDEEVADADADAAGDPAELDPARYEDD
EAFARALQDAEEREVAGRLMALAGLSDWRVMDHDDDDVDDDDDEDDDDDDDDEDEDGDDPQDAWEDVD
FDEYSYEELVALGEVVGTESRGLSADTLASLPSITYRAQDKQDGNMEQCVICRVEFEEGESLVALPCK
HSYHSECINQWLQLNKVCPMCSAEVPTSQDTRA

SEQ ID NO: 230 - DNA - Zea mays

GGACTGTACAGGACAACAGAATTTGCTGTTTTCACCGAGATCTACAGACAGCGTGACTGGAGTTTGGA
TTTCAATTCTTGCTGACGGCAGTCTTGCAAACTGGGCAAATGTTCTTCTGCGAGAGCCACTGCTTGAT
GCAGTACACATGGTAGCTATGGCCACAGTCTAGCCTTCCCATCTCTTCATTTGTTTCAAATTCTTCTT
GGCAAATGCTGCATTTTCTTTCCATTTCTGTTGCGAACCGTAAGGAACTGAAGGATGGGTGCTTGACC
TTCCGAAGGTTGCGAGTAATCTCGTCGTCACGTAACCCTGTGTTGACATATCCAATTTTGTCTCCAAG
CTCGAGCAACTCCTCGTATGTCATGTTATCAACGTCAAGGCGCCAATCCTGGTAGCGGTCATACATGT
TCATTCCTCCCAGTAACACTCTTGTCTGAAACATCCTTATCTCTTCCTCGAGTCCTCCGGCGCTCTAC
CGTGAGCCGCGGGTCCCCTGACATGNNNNNNNNNNNNNNGAGATCGGCGCCGAATAAGGCGACATCGCN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCATGAAGGACGAGGATATCTGCTCCTGCACGGTCACCCTCCGGGACA
AGCACGGCCTCTCTCTGTGGGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCAACATCTGGTGG
CGCGCCACCACGCAGTTCACGGAGGACGCCTCCGCCGCGAAGGGTATGCCGGGTGCGCACCACACGTC
GGCGCCGATCCCACCGGTGACG

SEQ ID NO: 231 - proteína - Zea mays

MFQTRVLLGGMNMYDRYQDWRLDVDNMTYEELLELGDKIGYVNTGLRDDEITRNLRKVKHPSFSSLRF
ATEMERKCSICQEEFETNEEMGRLDCGHSYHVYCIKQWLSQKNICPVCKTAVSKN

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 232 - DNA - Zea mays

GCACGAGCGATGGTGTTTGGGGTGTTCCTTTATCAACAAGGGGTAGAGAAGGAAGAAGGTTAATGGAG
ATTCGGAATGCACTTGAAATGATCCATAGAGGGGAGAATGTAAGGCTTGAGTCTATCTTCTATGGCGG
TGTTGACATTCACGATAGACACAGGGACATGCGCCTTGACATTGACAATATGTCCTATGAGGAGCTAT
TAGCACTCGAGGAAAGAATAGGAAATGTTGGCACTGGCCTCAGTGAGGAAGCTGTGATAAGGTTGCTC
AAACAAAGGAAATTTTCATCTTGGACACTAAAAGCATCTTTGGACCCTGAACCATGTTGTATCTGCCA
GGAGGAGTACGCTGATGGAGACGACCTCGGGAGGCTGGACTGCGGGCACGACTTCCACGCTGGCTGCA
TCAAGCAATGGCTGGTGGTGAAGAACGTGTGCCCCATCTGCAAGAGCACCGCATTGAAGAAGACCTGA
AACCCGAACAAAGGCTCGTGTCAGAGACACCCCCCCATGTTTCTATGTTCACTCGATCGTTCGCGAGA
TCCTTTGCCGATTCGTATTGCTACGTTTTTTTTGGTCGGGAAAATTTGCCAGACACCTGCATGCTAT
TGGGAAAGGAAAAGAGAGAGAAAAAGAGAGAGAGAGAGAGGATGCGGTTGCGGTCCTCTGTAAACTGC
TGCTGCAGTAAATAATCCCTGGAATATGTCTCCCTGCATCCAACCAAATATTTAGTAGCTGTTATAGT
GGACGCCGTANGATTAAAACCTGGAAGAGAGCCTGTTGGCTGTTGCCCACAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 233 - protein - Zea mays

MEIRNALEMIHRGENVRLESIFYGGVDIHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVGTGLSEEAVIR
LLKQRKFSSWTLKASLDFEPCCICQEEYADGDDLGRLDCGHDFHAGCIKQWLVVKNVCPICKSTALKK
T

SEQ ID NO: 234 - DNA - Hordeum vulgare

GAGGGAATCCGAGCCCGGAAGCGCCCCCACACCCACACCCTCCCCTCCTCCTCGCCGTCTCCTCCCAT
TCCGGCCCCGCCGCCGCGACCACGAGGCACGGCCTCCCATTCCGGCCCCGCCGGCGCTCGCGCCGCTCC
CTCTCCGTCTTCCTGATCCGAGGCTTCCCGGACCGGAATGCGCCGCCGCTGTTATATTTCTTATTGAT
CCTTGCAAATCGTGGTTACAGAACTACTTGACATCGGAGAATTTTTTTTCTTCTCGGTATTTAGCGAC
ATCTGGTTACATGGAGGAGTATTTAAGTAGGAGATCCAGAACAGCAATTGGGTTTCTCAGGAGAGGTT
CAGGCATAAATCGAAGCCCTGAAGAGACAATCAGTCAGAACACTGAGGTACAGGGACGCACTTCAAGA
GTCAATCCTATGAAAACCAGGCTGGTTGATAATCAGGAGAGACCCAGATATTTACATGGCTCGTATAA
ATATGCAAGCTCAAATGTCATGTCTGGAAGCTCTTCCAAATTTCCTAAGAAATTTCCCCTTAGAAAAT
TTGGTGAGGAAAAGCGAAGGCAGACTTTGTTGGAAGGGGCTGACGTTGCTGAAAGTAGTAGAAGAAAG
TCCGATGTCGGGTGTCTGGAGGGTAGTAAGAAAACCATTGTAGAGAATCAGGGTTCAGATGCTCCACA
GACTGAGACAGAAGGATTAACTGCCAAAGATGATGAACTGATAGCACCCGATCCTGAGGTTTCACATT
CTGCTGGTTCTTCAGGTATACCTGCACATACAGATGGATCCCTGATAAGGAGCGCCTCACTAAGTTCT
GAAACACATAGACAGAAGAATAAGGAATTGAATTTGGGCAGACCTGGATATTCTTGCTCTTCGTCATT
TAGTAATCAGCCTACTATACCTAGAATTCCCACCGTTGGTGCAAAGCCATCATATGGTCTTGTTAGTG
GAGAACAAAGACGTGTACCACGTGGTCTTAAAAACCTTGGTTGCACTTCAGTCTCTGATGTTCTGCCA
TCAGGATGTTCATCTGATTCTGTATATAGAATGAGCTTCGATGCTATGAGAAAGAGAGCTTCTGATGG
GGATGGCTCTTCCAGATCAAGATTCATAAGTGGACCATCCAGTTTAGGTCATTCACATACAATATATC
CTAGCATTAGTGGTCCCAGAATCAGAACTACCGAAGAATCAGTTCGGCAACAAAAATTACGAAGCCGC
AGCAGAAATATTCAGGATTCAGCAGTATCAGTAAGGACAAGACGGACTTCTCCTCGAGACACTAGGTT
CAGGATGTCCGAGGAAACAGAGGATTCCGTGCTTCATCTGAATGAGTCTAACGCCGGGAATCAACAGT
CAGTCGGTGCTGATTTTTCTGTGGAAGAGGGTTCTTCAGAACGCTCCATAAGACCAGTCTCTGTGGAA
CTACCTCATGCAATTTACTCATCTAGTCGTCAGGGATCGAGTACTCGGACTGCCAGGAGAACATCGAC
CTCTCGTTTTGAGCAAAGCCCCCCACAAACATTTCGCAGTCTGGCGAGGGAAAGAGGTGGCCACAGAC
GCATAAACATGGAAGGCATTGCAGAGGTATTGCTAGTGCTGGAGAGGATTGAACAAGAAGCTGAGCTT

FIGURA 19 cont.

ACTTATGAGCAATTGCGGGTACTGGAGACAAATCTGTTACTTGGTGCCTTTACCTCCCATGACCACCA
TAGCGACATGCGGATGGATATTGACAACATGTCCTATGAGGAACTATTAGCATTAGAAGAGAGAATAG
GATTCGTAAGTACTGCTCTTTCTGAAGAACAGTTTGCGAAATGTATCAGAAGGCGTTTATATAGACCA
GTTGCTGCAAAGGGAAACAAAACAGCCATAGATGACATCAAATGCAGCATATGCCAGGAGGAGTTCGT
GAAGGGCGAAGAGGTTGGCAGGTTGCGGTGCGAGCACCAGTACCATGTGTGCTGCATTCGCCAGTGGC
TCCTGCAGAAGAACTGGTGCCCAGTCTGCAAAGCTCCAGCGTTGCCCTCTATGAACTGAGCCGAACAT
CATGTAGGAGCCGAGGTCTCGAACCTGTAAAATAAATTACTATGCGATGTGATGGGGTAGTCGTGGCT
CGTGGACCTGTGAATAATCTTGGCCGGGGTTCACTCCAGTTTGTGAATGTCAAATGGATTTGTGCCCT
GTGAAGTGTGAGCTGTGAAGAGTCCAGCTTGTGAATGCCAAACTGTTATCAGTTGCACTAAAGTTATA
CTTGTGTCTTTTTGCCAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 235 - proteína - Hordeum vulgare

MEEYLSRRSRTAIGFLRRGSGINRSPEETISQNTEVQGRTSRVNPMKTRLVDNQERPRYLHGSYKYAS
SNVMSGSSSKFPKKFPLRKFGEEKRRQTLLEGADVAESSRRKSDVGCLEGSKKTIVENQGSDAPQTET
EGLTAKDDELIAPDPEVSHSAGSSGIPANTDGSLIRSASLSSETHRQKNKELNLGRPGYSCSSSFSNQ
PTIPRIPTVGAKPSYGLVSGEQRRVPRGLKNLGCTSVSDVLPSGCSSDSVYRMSFDAMRKRASDGDGS
SRSRFISGPSSLGHSHTIYPSISGPRIRTTEESVRQQKLRSRSRNIQDSAVSVPTRRTSPRDTRFRMS
EETEDSVLHLNESNAGNQQSVGADFSVEEGSSERSIRPVSVELPHAIYSSSRQGSSTRTARRTSTSRF
EQSPPQTFRSLARERGGHRRINMEGIAEVLLVLERIEQEAELTYEQLRVLETNLLLGAFTSHDHHSDM
RMDIDNMSYEELLALEERIGFVSTALSEEQFAKCIRRRLYRPVAAKGNKTAIDDIKCSICQEEFVKGE
EVGRLRCEHQYHVCCIRQWLLQKNWCPVCKAPALPSMN

SEQ ID NO: 236 - DNA - Hordeum vulgare

GGAGCTCTCCCCCGTCTTTCTCTTCTCCCCTGGTCTTTGGCAGATTTTCCTCCACCCGTTCGCTCCTT
CCCTCCCTCCCTCCTCTCCTTCTCCCTACCGCCCGCCCGCATCGATCTCTCCGAATTCTGTCCCCCCA
CCTAGCTGCCATCCGTCTCCCTCCACCGATTGACTGGCTTTTCCTCCGTTTCTTGGGGCTGATTCTTC
CCTCCATCTCTCTTGGCTGGAGAGGATCGGCAGGAGAAGGAACCAAGGTGGATGCCAAGAAGTTTGAT
GCCTGCTTGGAGGATTCTGGTTCTTCCGGCGAGCCGTTGAACATCTCGGGACCGGCCCCTCCCACGGT
CTCACTTGAACCGCTGGAGAAGAGGCGAGCAGCATCTGACATGCTATTGCTGCAGAACGATCTGTAGA
AGGACACCCCTTTACCCTTTCGATAATGCAAGGGCAGAGGAATTCCGTCGAACAGCTGGCTGACGTCT
TTGGATTCGACCATGGGTCTGGTTCAGGCAACCCTGTCATGGACCAGCAGGCGTACTGGAACAGCATG
CTTGGAGCAGCAGAATCTCAGAACCTCCAAGGTTACGAGATGAACCGCGGTGACGGGGCCATTCCGTA
TGGAGGCGAGGGGCATCAAGACGGACAGTTCTTGGGTTTCTGGGGGTCAGGTGAAGCTAGTTCGAGCG
GCAATGCGCTGAACATTGGTGGTGGTTTGAGGATCGGTGAAAGGCGCCTGGGTGCTGAACACAGCCTT
TCTTTGGATAATGTGGATATCAACCTTAACGCCAGTGGCCATGATCTCTTTGGTCAGAGCTCAAATGC
GAATGCCACCTCTCAAGCCTCACAGCAAAATGCTGGATGTTCCCGTGCTGATACCACAGCCCAGGCTA
CTGAGCTTAGATTGCATCCTTACAGAACTTTCGGTTTAGACGACGAGCAGCCAGAGCCGTTCCCTTCT
TTGAATGCTTTCGAACATCCTTTGGGGAATTTCTCCCTGATGCCAGAGGACATTGATCAAAGACCAGG
CAGTTCCCTGGACGGCCGGCGTTTAGCGTGCAAGAGGAAAAACATTGAAGGAGTCCATGGGCAGTTTT
CAGCAGGTGCTAGCACAAGCTTTTCCCACAGAAATGATAATGCCTTCCATAGTGTTCCTTCTTCAAGT
TTCAATCCAGCTCCTGGCCCAAATGTGTCCTCTCATAACTTCTTGTTAGCTCCAAGTTCCATTGAGGA
ACAACTCCCGAACTATGGAACTACTACAGGAATGTCATCTGTTAGCTACAATCCTCCTAGTGGAGGCA
ATAACAGTTCAGGAAATTCACAGAGAAGTTTTCGGGCAAGAACTACAACCGCTCAGCAGGTTAGCCCC
TATGGTGTATGGCCCTCTTCAGGTTCTATCAGGCATCCAGGTTCATATTACCACCAGGCGCCTGCCTT

FIGURA 19 cont.

TCAGAGCGCATTTGATGAACTAGAAGCGGCTATGCCTGTGGTCAGTGGAATCAACTTGCAATACCAGC
ATCCTGGAAATGTAGTCCCTGGCATTCCACAAACTGCACAGCGTTTCGCTGGTCGAGCAGCGGCTTCA
TCGTCGAGAGCAGGAAGTCTGGACAACATAATTCTTGGTAGAGAGGATGTGAGGAATCTTGTAGTTCC
CAGCTTCCCTAATGCTGCCCCTCACTCTGCACTAAACATGAGACATCTGGTGCCAGAATTGTCTAACT
GGAATCCTGACATTCCTGGTGCTACCATCCCTGGAAATGTGTCTTCTGTATCAAGAGCTAATGCCACT
TCAACGATTAGTCGACCAGCAGGCTCAACATCTATCGCTCATCAGAACCTGCATCGACGGCATCCTAG
AAATTTATCAGAGGAGATAGGTCGTCTATCTGGAGCGCTTCGTAGTCAGCAGCACCCGCGCTTAAGGT
CAGGGTTTCTATTGGAACGTCAGGGTGATGGTGTTTGGGGTGTTCCGTTACCAATGAGGAATAGCAGG
GAGGGAAGGCGATTAATGGAGATACGGAATGCACTAGAAATGATTCAGAGAGGGGAGAATGTCAGATT
TGAGTCTATTTTCTATGGTGGAGTCGAGATTCATGATAGACACAGGGATATGCGTCTTGACATCGACA
ATATGTCTTATGAGGAACTATTAGCACTGGAGGAAAGAATAGGAAATGTTAGCACTGGGCTCACCGAG
AACGATGTGATGAAGCTCCTGAAGCAAAGGAAATTCTCGTCGTGGAGATTATCATCTATGGAATTTGA
GCCATGTTGTATTTGTCAGGAAGATTACGTGGAAGGTGATGATCTTGGGACGCTTCACTGCGGGCACG
ACTTCCATGCCAGCTGCATCAGCCAATGGCTAGTGGTGAAGAACCTGTGTCCGATCTGCAAAAGCACC
GCCCTGAAGACCTAAGACAGCTGCAAGGCTCGTCGGTGGCACCGCAATATCATTTTATTGATTCATAA
TACCGCAACTTTTTTGGCCAAAAGGGTTTTGCATTCACCTAAAGCTCGATAAAGAAAAAATTCCAAAA
TTCCTTGAAAAAAAGTTTCAAAACTGGTCATGGTTTCAAAAACAAAGAAGGGTTCAAAACTGGTATTA
CCTGTAAGCCGCCGGGCGTGTCGCGGCAAATAATCCTGGGATCTGTGTCTAGTACTCATTTGACTAAA
TATTCATCATGGATTCGTGGCAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 237 - proteina - Hordeum vulgare

MQGQRNSVEQLADVFGFDHGSGSGNPVMDQQAYWNSMLGAAESQNLQGYEMNRGDGAIPYGGEGHQDG
QFLGFWGSGEASSSGNALNIGGGLRIGERRLGAEHSLSLDNVDINLNASGHDLFGQSSNANATSQASQ
QNAGCSRADTTAQATELRLHPYRTFGLDDEQPEFFPSLNAFEHFLGNFSLMPEDIDQRPGSSLDGRRL
ACKRKNIEGVRGQFSAGASTSFSHRNDNAFHSVPSSSFNPAPGPNVSSHNFLLAPSSIEEQLPNYGTT
TGMSSVSYNPPSGGNNSSGNSQRSFRARTTTAQQVSPYGVWPSSGSIRHPGSYYHQAPAFQSAFDELE
AAMPVVSGINLQYQHFGNVVPGIPQTAQRFAGRAAASSSFAGSLDNIILGREDVRNLVVPSFPNAAFH
SALNMRHLVFELSNWNFDIPGATIPGNVSSVSRANATSTISRFAGSTSIAHQNLHRRHFRNLSEEIGR
LSGALRSQQHPELRSGFLLERQGDGVWGVFLPMRNSREGERLMEIRNALEMIQRGENVRFESIFYGGV
EIHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVSTGLTENDVMKLLKQRKFSSWRLSSMEFEPCCICQED
YVEGDDLGTLHCGHDFHASCISQWLVVKNLCPICKSTALKT

SEQ ID NO: 238 - DNA - Hordeum vulgare

TCGGCACGAGGGTGGCTTCTCGGCATCTATATATTAGAACTCCACTGGTTCTTCTCACCCCTGGCTCC
CTCCCTCCCTCTCCCCATCGAGGAATTCAATCTGGTCTCCGTCCCGGCCTGGTCCATTGGATTGGAGG
GGCGTCAGAACAGGGAAAGGCAGGCTTCACAAGGGAAGGAAGGAAGTCTCAGGTGATCCTCTGATCAA
TTGGCATGGACGAACACATGGGACGGCGGACGGTGGGCGGCCTCCTCTTCACCAAAGGGGGCTCCATC
CTCCTCTTCAGGGAGGACAGCTCCCGCCGCAAGGCCGGCGCTTGCTGCCCGCGCAATGGCTGCAACGG
CACCCGGCATTCGACAGACAAAGGCCGGCCAACGCCCAGCCACAGGGAAGCAGCAGCAACAGCAGCCA
AGGAAGCAGCGCCAACCACCCGGAGATCACAGCCTCTCAGGAAGAAGCCTCCACAAGGAAGCAGCAAT
CCAGCAGAGCCTTGTAGCGAAACCGACAACAGGACGGGAGAGACGGCGGCTCCAGGTGCCGGGCGTGA
CCTGCTGGCGCGCCTAAAGGACAGGGTGAATGCGTCAAGGAAGCGGTCGCTGGCCAGGGAGATGAGCA
GCTCGTCGTCGTCGTCCGGTGGGTTCAGTGCCAGTTCTTCTGGTGGTGGTGCCACCCGGTCATCAGCG
GTGTCGAGGCCGACGCGTCGTGCAGCGTCCCGGATAAGGAAGGCAGACGAAGGCGAAAATGCAGGAGG

FIGURA 19 cont.

TGCTCGCAGGGCGCCTAGGAGGGACACCGGTGGTGGTGTTGGTGCCAGGAGGAATTCAGATGACCCGG
TGATGGTTGGGCAGCGGGCAGCAAGGGAGCAGGCCCCTACCGAAGGGTTCATCTCCGGGTTCCTGGCG
AGGTACAGGGGTAGTCTCCAGGGAGGGTCGTCTTTGCAGGACGGCACCGAGGACTCCAGCGGGTACTG
GCGCTTCGACGTCGAAGGCAGTGAAGAGCTGGAGAACTACTTCATGCTCAGTGATCGGCACCGGGCGA
TGAGGATGGACATCGACGGCATGTCCTACGAGGAATTGCTCGCGTTGGGTGACCGGATCGGCACGGTG
AACACCGGGCTTTCAGAGGACGCGCTGTACAAGTGCCTGAAACGAAGCCTGTACACGCCCACAGCCCC
AGAGACGCACCTAGACTGCGACAGAAAATGCAGCATATGCCAGGAGGAGTACTCTGGTGGTGAGGAGG
TGGGGAACATGGCGTGTAAGCACTACTACCACATCACCTGCATACAGCACTGGCTCCGGCAGAAGAAC
TGGTGCCCCATCTGCAAATCCGTCGCCGCCAAGACCGTCTAGCGCTAGCACCAGCAGCCTCTGCTTGT
TTAGTGTAAACAGATTCTCCTGAAATGTCTAGACACAAGATCTGTATTCTTTTTTCTATTCTTTTCTA
GAACGAAACATTTGTTTGTGCCTTCAAGACTTCTTGTCTTCCTTCAGTTCACAAGGTCCAGGGACAAT
AAAAAGGGAACAAGAAATAAACTCTTGATTAGATGGTGGAGAATTTCACTTGCTCAGTGGTTTATCTT
GTCAGTGTTCAGTTTGTGCTCT

SEQ ID NO: 239 - proteína - Hordeum vulgare

MDEHMGRRTVGGLLFTKGGSILLFREDSSRRKAGACCPRNGCNGTRHSTDKGRPTPSHREAAATAAKE
AAPTTRRSQPLRKKFPQGSSNFAEPCSETDNRTGETAAPGAGRDLLARLKDRVNASRKRSLAREMSSS
SSSSGGFSASSSGGGATRSSAVSRPTRRAASRIRKADEGENAGGARRAPRRDTGGGVGARRNSDDFVM
VGQRAAREQAPTEGFISGFLARYRGSLQGGSSLQDGTEDSSGYWRFDVEGSEELENYFMLSDRHRAMR
MDIDGMSYEELLALGDRIGTVNTGLSEDALYKCLKRSLYTPTAPETHLDCDRKCSICQEEYSGGEEVG
NMACKHYYHITCIQHWLRQKNWCPICKSVAAKTV

SEQ ID NO: 240 - DNA - Lycopersicon esculentum

CTTGTGTTTCTCTCCTTCTTCTTCTTAAAATGCTTCTTCTCTGGCTCTGACACCCCCTTATTCTCTCC
CTCTCAATTTCACCCTTTTTATCTTCAATATCTTCTCTTTAGTGCTTCTCTCTCTACAAAATCAATAT
CAATTTTCTTTACAAACCCAAATCTTGAATTCTCCATTGTTGTCTTCTTTCATCTTTACAGTGCAGAG
CAACCATGCCTGTGGTATTCTCAGAAAGCTCCACGGTTTCAGAACAGATTAGATATAGAAAACCCAGA
ACGCAAAACCAACAAGAAACCCAAGATATGGATCCAGTTTCTTCTTCTTCTCGCTCCACTAAACCCAC
AATTTCATCTCTACTTCTAGCACCATTTTCGCCTACAAGTCCTATCCATGAAAACTCAACTACCCCCA
GTGCCTCTACAGTTTTTTCCACTAAAAAGAAGAACTTTGCTACATTTAGGGGACTGGGTTGCACTGCA
TCACCGCAAGTGTCGGTTCCTGCTGTGATTAGGACTTCGGCTGACTGGGATTCCAAGAGAATCAAGAA
GAAAAAGCAGAACAGCAACAAGAACAAATCCCTTAATTCTGCTGTTAATGTTGGTGGAGGAGTATCCA
TTGGCTGCAGCAGTAACTCAGTCCAGAATAATAACCCTTCATCGTCGTCTTCTTCATCAGGACCATTA
TCGTTATCATCGAGCTGTGTGGCGGTTCCTGACGTTTGGTGTGGTCCTGGAATTGGATTAACTACTGA
TGCTGCTTCTGTTGATTGCGTCGTTTCAAGAAGACCCGTGTCTGGGAGGGGAAGAATCGAAAGTGACA
AAGCTACGCCTAGAGAGAGATCTGCATGTCCTATACGAAGAATGGTGAGCCCAGAAGACAACCCTTTT
CTGGATATAGAAAGTAGCCTAGGTATACCACGCTCCCAAATAGAGTTATTTGCATCTAGGCATCATCG
ACATTCTCGCCATGGTTATTCAGAAGGACTTGCAGAGATTGTGATGCTTCAAAATAGTCTTATGGGAG
GAAGAACAGATGGTCTTGATCGATACAGGAACTGGAGACTAGATGTGGATAACATGTCCTATGAGGAA
TTGCTGGAACTTGGTGACAGAATCGGATATGTCAACACAGGATTGAGAGAAGACGAGATAGCTCGATG
TGTTAGAAGAACCAAGCCCTTCTTTTTGAGTAATTTATCTCTTATCCGCACAGAATTGGAAAGGCAGT
GCACCATCTGTCAGGAGGAATATGAGGCTGAGGATGAGATGGGGAAGCTGGATTGTGGACATTTCTAT
CACATTCGTTGCATAAAGCAGTGGCTGAGTCAAAAAAATAGTTGCCCAGTTTGTAAATCTGCAGCTAT

FIGURA 19 cont.

GTCTAATAGCTAGACATCAAAAAACAACTTCTCCCCTCATGAACCTTTTGGTCTGTTGTATAGCTTCT
TCTGTTATCATTACAAGCAAGAAAATTCTTTACAGAGTGTTTCTATCCTCTACTTATGTGATTACTGA
AAGTGATGGTTCTGTTGTTTGAGTGCCAATCCAATGTGGATGGATTGAAACGAGTGGTACACAAAGTA

SEQ ID NO: 241 - proteína - Lycopersicon esculentum
MPVVFSESSTVSEQIRYRKPRTQNQQETQDMDPVSSSSRSTKPTISSLLLAPFSPTSPIHENSTTPSA
STVFSTKKKNFATFRGLGCTASPQVSVPAVIRTSADWDSKRIKKKKQNSNKNKSLNSAVNVGGGVSIG
CSSNSVQNNNPSSSSSSSGPLSLSSSCVAVPDVWCGPGIGLTTDAASVDCVVSRRPVSGRGRIESDKA
TPRERSACPIRRMVSPEDNPFLDIESSLGIPRSQIELFASRHHRHSRHGYSEGLAEIVMLQNSLMGGR
TDGLDRYRNWRLDVDNMSYEELLELGDRIGYVNTGLREDEIARCVRRTKPFFLSNLSLIRTELERQCT
ICQEEYEAEDEMGKLDCGHFYHIRCIKQWLSQKNSCPVCKSAAMSNS

SEQ ID NO: 242 - DNA - Lycopersicon esculentum
GATTGTCCCCTCTCTTTAGTCCACCAGGTGGTGACTTTAGATCTGTTGCTTCATCTGCTGATGTTTTG
GAGGTCTGCTTAGCGGTGAAGTTTGAGACACTGCTGTCACTACAATACTATCTTTGTCTTTTGGAGAT
TGTGAATATAGAGTTATAGGCCTAATGCAAGGGCAACGGAGTGCAATCGGATCCCTGCCAGAAACTTT
GGGTTTTACTCATGGTTCAACATCGAGTGATGGTGGTATAGATCAGCAGATATGTTGGAATAATTTGC
GAAATCCTGCACAAAATCGGCTACCAGATTATATGGTACCTTCTAATGAGACAACCATACCATTTCTT
AGTCATGCAAACCAAGAAAGGCAGAGTGTAATTGGATGGAATTTAGGAGAATCCAGCTCCTCCAATAC
ACAAAATAGTGTTAGTCGTAGTGAAAATACTACAATGAGTGCCCGTCCTGGGCCTTCTCACTTCTCTG
CTGAACAGCATTATGGGTCTTCCAATATTCTTTCATTGGGTGATGTTGAAATAAATTTGAATAACCAG
TTAGCTAACAACACTTTATTTTCTCAAGCTTCTACGTCTAGCACTGTTCCAAATGAACTAAGTAGAAG
TGCTGGACATGAGGGGCGTGATGGCGATGAAGATGATGATGATGACTGCGAAGTGATGGAGTGCACCC
CAACATTCAAGTCTAATGGACCTGGAAAAGAACGGATGTCAACCGCCAGTACTTCTTCTGATCCCCTT
GCTGGGACTTCTGCAACTAATGGGTTTCTGAGGGATGAAAGTGATGGCAGACCAGGCTGTACACTGGA
TGGTCGACGCATGGCTTGTAAGAGAAAAGCAGTTGAAGGACATCTGGGACAATCTTCGGGAAGTGGAA
GTCCAGATTATCTTCTAAACAGCTTATGGCGTTCTATACCTGCTCCAAATAATCTGACTGCAGGTGCT
AATAGCTCTGCATCAACAGAAAGTAGAAGAAACATCAATTTGCCAGCGCAGATAAATCCAAGACTTGG
GCTCACTATGGGTGGCACCACTATGGAAGGTCCGGTTGCATTGCCTGCTTCAAGGAGAGCAGAAAGTT
ACCGTAGAAATTTCAGGCTTAGGATCAATGGCTCTCATCAGCAAGTTCCTATTCCTGGCAATACGTTT
CCTACTGTGGGTAATGATAGAAATGTTACCATGTCTGACTGGGACGCATTGAGGCTGCCTTCTAATCA
GTCTTTGGATTCGAGGTCTGTTTCTGCTGCAGATAATGTAAGTCCCCGAAGCCAGCCAGTTGTGGGGC
CGGTTCCTTCTCTGCGACGAAATGCACAGAGGTGGGATTCATCTAGTTCAAGAGCTGGCAGTCCATCA
AGTTATTCTGTTTTTCTTGAGAGGAATTCTGCAGCCTATGAACAACCAAGCTCAAGAAGTGTGCCCAG
AAACATTTCGCAGCATCCAATGTTCATACCCGCTAGTGACTTGAGAAATTTGAACCAAAATCCTGTCA
ACTGGGGTTTAGCTGGTGGAAATATTTCCATTGCTGGAAATGTTGCATCTTCTTCTCGGAGTGGTCCT
AGCTCAGTAGCCCCTTCCTCTTCTCCTGGTTGGGTGGAACAAAGAAATCCTCAGCAATATCCTCGACG
ACTCTCAGAATATGTTCGTAGATCTATGTTGTCTTCAGCTGTCAGTGAACCTGGAAGTCACAATGGTA
ACACTCCGCCACATTTGAGTTCTGCTACCTCACAGGAGATGGGGCTTTCTGGCCATCCCGGGCATCGT
CCATCAAGTTCAAGGTCAGCATTGTTGTTGGAGAGACAACTCGATGGTGCAATGGGAGTTCCATATTC
CTGGAGGACTTTGGCTGCTGCCGGTGAAGGAAGAGGCAGGCTAGTTTCCGAGATTCGCAATGTGTTGG
ATCTAATGCGCAGGGGAGAGAGCTTAAGATTTGAGGACGTTATGATCCTCGATCAGTCAGGGTTCTTT
GGGATGGTGGATATTCAGGATCGCCATCGTGATATGCGTCTTGATGTTGATAACATGTCCTATGAGGA
ACTACTGGCGCTTGAGGAGCGCATAGGGAATGTCTGCACCGGGCTAACTGAAGAAACCATTTTGAATC

FIGURA 19 cont.

GTCTGAAGCAACGGAAACATGTTAGCATTAGAACAGAAGAAACCAATGATGCTGAGCCATGCTGTATT
TGTCAGGAAGAATACAAGGATGGTGAGGATCTTGGGAAGCTGGATTGTGGCCATGATTTTCATGCCGA
CTGCGTTAAACAATGGCTCATGCAGAAGAATTTGTGCCCAATTTGCAAAACAACAGGACTCAATACTT
CAGGAAAACAATGATCCATGGAAGTTTGATGTACCAGTTGGACCATGGAAGGTTGACACAAAGCGTGT
CTACGCGTTTGGTCCATGAGTTCATTCTGAGTGAGAAAGATCTATGTATTTTTCTCATTAATTTTATT
CTGACCTCTGCTTAGAGGGAGTTATTTAGAGATAGAAGAAGCACTAGCTACAATTAGGGTCATTAGG
CAAGAGTTATACATTATTTGGTTGTTTGGAAATTTACATTCTTACTTTCCAATTTATTGATACCTTTG
AATATTTTGAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 243 - proteina - Lycopersicon esculentum

MQGQRSAIGSLPETLGFTHGSTSSDGGIDQQICWNNLRNPAQNRLPDYMVPSNETTIPFLSHANQERQ
SVIGWNLGESSSSNTQNSVSRSENTTMSARPGPSHFSAEQHYGSSNILSLGDVEINLNNQLANNTLFS
QASTSSTVPNELSRSAGHEGRDGDEDDDDDCEVMECTPTFKSNGPGKERMSTASTSSDPLAGTSATNG
FLRDESDGRPGCTLDGRFMACKRKAVEGHLGQSSGSGSFDYLLNSLWRSIPAPNNLTAGANSSASTES
RRNINLPAQINPRLGLTMGGTTMEGPVALPASRRAESYRRNFRLRINGSHQQVPIPGNTFFTVGNDRN
VTMSDWDALRLPSNQSLDSRSVSAADNVSFRSQPVVGPVPSLRRNAQRWDSSSSRAGSPSSYSVFLER
NSAAYEQPSSRSVPRNISQHPMFIPASDLRNLNQNPVNWGLAGGNISIAGNVASSSRSGPSSVAPSSS
PGWVEQRNPQQYPRRLSEYVRRSMLSSAVSEPGSHNGNTPPHLSSATSQEMGLSGHPGHRPSSSRGAL
LLERQLDGAMGVPYSWRTLAAAGEGRGRLVSEIRNVLDLMRRGESLRFEDVMILDQSGFFGMVDIQDR
HRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVCTGLTEETILNRLKQRKHVSIRTEETNDAEPCCICQEEYKDG
EDLGKLDCGHDFHADCVKQWLMQKNLCPICKTTGLNTSGKQ

SEQ ID NO: 244 - DNA - Lycopersicon esculentum

GCATTTGTTTGTTGAAGATTTGTTCGTCTTCTCTATATAGTCTTTCTCCATTTTCATCAGCTTCGATC
CTATAATCTCTCTCGTGAAAAAGGGATTTTTTTTCTTTGGGATAAAGAAGAAGAAAACAACGAAAACA
GAAGAGAAAAAGATATAAATGGTGCTTCGTGTAAGACATGGATGAATATCCTGTTAAAAGAGCTGGGA
ATGGGCTTGTCGCCGCCAGAAGAGGTTTAAGGGACACTGCTGAAAACAAAGATAAAAATGTTCAGTAT
TGTTCTAGACTTGGATGTAGTGGCCGGGTCAATTATACTAAGAGTACCAGAGTTGGAGGCATGGAGAA
ACCGAGACCACTAAGGCCTACTTTCGGTTCATCAAACGGAAAGGAAGTAGTTGGGAGTTCATCTGTGA
CATCCTCTGGAATGACTACTGCAAGAAGGTCAGGCAAGGAATCTCACAAGAAGTACTCTTCTAACATT
GAAGATAAGCGATCAGATACCAGTTCCTTACGTAAAGAGTCACAAGTTTTAAAACAGATGCAGTCATC
AACGGAGCGTCAATTCCAATTTGATTCAGCAAAGAGAGATACTGGATCCAGCAAAGTTGTATTTACAG
AAGTTGGTTGCTCTAGTGGAACATCGAACAGTAGACCTCGAAAAATATTTGGTCATGGACCTGGTTCT
TCCAACCAAAAGAGTCCAATGAATTCCTCTATTTCTTCGTCGTCTAAATCCATTAGTGCTGGGACAAG
GAGCAGTAGTAGTGGAGAGGGATACAGGTTGAGAAATCTGAAGTGCAATTCCACACCTGATGTCCTCC
CATATAGTTCTTCATCATCAGAATCAAGTATTAGTCGAAGGGAAACAGTAAAAAGGAGAAATACTGAA
GGTGAAAGCAGTTCATCATCTAAAGGGAAAAAAATGAGTGGTGCATCGCCAAATGAAGGGCGTGCAGT
TCGTCCTGCTACTGGAATCTCCATCTCTGATTCAAGGAGTAGTAGAAGCTCGGATTTCAGTGACGGTA
ATCGTGCTGTATCAGTTCGGACCCGCAGGTCAATGAATGTGAGTACTAGGTTAAGGGGTCCTGTTCAG
GATTCATTGCATACTAAGTCTTCTGGCTTAAGCCAAAATTTACCTGAGCATGGAACTCCAAATCTAGA
TATGCCTAGTTCATCCAGTCAACTTTTCATGGATTCTTCATCAAGTGATTATAGCACATATAGTTTAC
CTGCAAATGATTATGATGATGACGACGAAGATGAAGATGAAGATGATGATTTACCTGGTGTAGTACCA
TTCACTTCAGCAGAAATCTGCATTAACGGTATGAACCGTGAAGCATTGCAGAGATATAACATGGATGG
AGTCGCTCAGGTATTGCTGGCACTTGAGAGAATCGAACAAGATGAAGAGTTATCTTATGAGCGACTAC

FIGURA 19 cont.

TGGCGTTGGAGTCCAATTTGTTCCTCAGTGGCCTTAACTTTTATGACCAGCATAGAGACATGAGACTA
GATATTGATGACATGTCCTATGAGGAATTATTAGCACTTGAGGAGAGGATTGGCTCTGTTAGTACCGC
TCTGCCCGAGGAAGAACTATTAAAGTGCCTCAGGAGAAACATTTATCAGGGTATGGCTTCAGAAACAG
AAACACTAGAAGCTGATGAGGATGGAGATGACATCAAGTGCAGCATTTGTCAGGAGGAGTACGTGATC
GGAGATGAAATAGGGAACCTGGGTTGTGAACACGGGTATCATATGGAGTGCATAAAGCAGTGGTTTAA
GCTCAAGAACTGGTGCCCTATCTGTAAGGCTGCAGTAGAATCATCGAAACCGACATCTTAGTTGCAAA
ATGGTTAGATACCTTAAACCCCAGATGTGGGAAAGCTGTTAAACAGTTTCCCTGTGTACAAATTCATC
TGGGGTTGGTTTTTGTGGATTCCTGCAATTCATATTTACTGTTCTCTTTTTCCTCTATTCTCTTGAAC
TTTTTTTTGTCTCTTTTCTTTTGCTTAATTGCTCTCTTGCCATATGAACCAATAAACCCAGGCCTTCT
TCTGGCTTTGTGGTGGTGAATGTTTTCATATTCATTTCCTTCAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 245 - proteína - Lycopersicon esculentum

MDEYPVKRAGNGLVAARRGLRDTAENKDKNVQYCSRLGCSGRVNYTKSTRVGGMEKPRPLRPTPGSSN
GKEVVGSSSVTSSGMTTARRSGKESHKKYSSNIEDKRSDTSSLRKESQVLKQMQSSTERQFQFDSAKR
DTGSSKVVFTEVGCSSGTSNSRPRKIFGHGPGSSNQKSPMNSSISSSSSKSISAGTRSSSSGEGYRLRN
LKCNSTPDVLPYSSSSSESSISRRETVKRRNTEGESSSSSKGKKMSGASPNEGRAVRPATGISISDSR
SSRSSDFSDGNRAVSVRTRRSMNVSTRLRGPVQDSLHTKSSGLSQNLPEHGTPNLDMPSSSSQLFMDS
SSSDYSTYSLPANDYDDDDEDEDEDDDLPGVVPFTSAEICINGMNREALQRYNMDGVAQVLLALERIE
QDEELSYERLLALESNLFLSGLNFYDQHRIMRLDIIDDMSYEELLALEERIGSVSTALPEEELLKCLFR
NIYQGMASETETLEADEDGDDIKCSICQEEYVIGDEIGNLGCEHGYHMECIKQWFKLKNWCPICKAAV
ESSKPTS

SEQ ID NO: 246 - DNA - Glycine max

ATGATTAACTGTCGTGATATTATTTTTCTTTTCAATCCACACCCACCGTATAACACAAACAAGAGAGA
GAAAGAAGTGAGTCATTCGCATGAGAACCAAATTCCTGATTATATACTTTCTCCTTGTGATATGAACT
CATCCTATGACAATTCTATTATTAATCATGAATGGCAAAATTTGAGTGGATGGAGCTTAGGGGAGCCA
AGTTCCAGTAATACACCAAATGAGATCAACAATAATGAGCAAAAAAGAGAACTTGGATGGTCATCAAC
CATTACTGCTGGTGCATTGGCTGGTCCAAGCCTAGAAGAAAGGCGCCTTGAACCAACCAATGCTCTTT
CACTAGACAATGTCAATACAGGTCCTATCTACATCTGTAGCCCCAATTCTCATTTGATGTCCCAGAAT
CTCAACTTAAATGCAGGTTTAGCGGACAGTGGCAGTGATGATAGTCAACATCTGGAGCTCCCTAACTT
AAACAAGTCTAGTGGGTCAGCAAACGAGTGTATACCACCTAATGTTGGATCTGGTTCTTTTCTGCTTC
CTTCTGGAAATAATGCCTTCCTGGTAGAAGATACTGATGGTAGGCCTAGTTGTTCTCTTGATACTCGG
CGGGTCTCTTGTAAACGAAAGGCTGTTGAAGGAAATAATGGACAATCGTCAGATGCTGGGAGTTCTAG
CTACAGTCAGCATACAGATGGTAGTGCATGGCACACCATTCCTACTCAGGATAATGCTGGAAGCAGTT
CGAGAAGATCTATTCCCTCAGAAGAGGTAAACGCAAGACTTGGCCTGGGTATCGGGGATGAAGCATCT
GAAAATGTTTCTGATTCAAAAACTGCAGGAAGCTCAGAAAGCTTTCACAGGAATTTCCGTTTGAGGTT
AAATCCTTCAAACCCAGCAAATTCTGTTCCTCCCACCGCATTCTCAACTGGGAGCATGATTAGGCATT
CTGGTGTTTCTCCATCCTCTCAAGTATCACAAAGACTTCATTCTGTTAATAATTCTCTGAACTCGAGG
TCGGCACCACCGATAGATAATGTGGTTCCTCAAAGCCAGCCACATGTAATCCATGTCCCTGCTTTGCC
CAGGAATAGACAATCATTTAGATGGAGTGGTGGTTCTAGCTCCAGAAACATCCATTCATCAAACTCAA
TTATATCCCCAGCCAGGGATCAGGAGGATGCAAGCTCAAGAAGAATGTCCAGAAATATGTTAGAACAT
CCAGTCTTTCAACCTGCAACTGATTTAAGAAATTTAGTTCAAAATCCAACAGTTAGAGCTTCAAGTTC
AAGTAGTGTAAATTTAAGTATTCCAGGAAATGTTGCTTCATCACGGACTGGATCAAATCCAGCTACCA
ATCCCTCATCTGCCCCAACTTGGGTTTCTCCTCCTAATCCTCCACAGCATCCACGGAGGTTATCTGAA

FIGURA 19 cont.

TATGTCCGTCGGTCCTTGTTTTCTCCCAGTTCTGATGCTATTGGAAGTCCAAGCAATAATTATTCTTC
CTTGCGCTCTGGTTTTTCTACATCTGAACCAAGGGCGTTATCATCTGGGAGTGGGGCAAACCCGAGAT
CATCTTCATGGTTGGAGAGGCAAGGAGGTAGTGAATTTGGAATTCCTTATTCACTACGTACTTTGGCT
GTTGCAAGTGAAGGAAGTAGTAGACTTGTATCTGAGGATGTTGTGATCCTTGAGCATCAATCATTTCT
TTCTGGAATAGCTGATGTTCATGATCGACACGGGGATATGCGACTTGATGTTGATAACATGTCTTATG
AGGAGTTGTTGGCTCTGGAAGAGCGCATTGGAAATGTGAGTACTGGATTGAGTGAGGAAACCCTATCG
AAACTCTTGAAACAGAGAAAGCACTCGGTTGAAAAAGGGTCTGAGACTGATGCAGAACCCTGTTGTGT
TTGTCAGGAGGATTATGGTGATGGGAATGATATTGGAACGCTTGATTGTGGCCATGATTTCCATAGCA
GCTGTATCAAACAGTGGCTAATGCAAAAGAATCTGTGTCCCATTTGTAAGACAACGGGCTTGGCAACA
TGA

SEQ ID NO: 247 - proteina - Glycine max

MINCRDIIFLFNPHPPYNTNKREKEVSHSHENQIPDYILSPCDMNSSYDNSIINHEWQNLSGWSLGEP
SSSNTPNEINNNEQKRELGWSSTITAGALAGPSLEERRLEPTNALSLDNVNTGPIYICSPNSHLMSQN
LNLNAGLADSGSDDSQHLELPNLNKSSGSANECIPPNVGSGSFLLPSGNNAFLVEDTDGRPSCSLDTR
RVSCKRKAVEGNNGQSSDAGSSSYSQHTDGSAWHTIPTQDNAGSSSERSIPSEEVNARLGLGIGDEAS
ENVSDSKTAGSSESFHRNFRLRLNPSNPANSVPPTAFSTGSMIRHSGVSPSSQVSQRLHSVNNSLNSR
SAPPIDNVVPQSQPHVIHVPALPRNRQSFRNSGGSSSRNIHSSNSIISPARDQEDASSRRMSRNMLEH
PVFQPATDLRNLVQNPTVRASSSSSVNLSIPGNVASSRTGSNPATNPSSAPTWVSPPNPPQHPRRLSE
YVRRSLFSPSSDAIGSPSNNYSSLRSGFSTSEPRALSSGSGANPRSSSWLERQGGSEFGIPYSLRTLA
VASEGSSRLVSEDVVILEHQSFLSGIADVHDRHGDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLSEETLS
KLLKQRKHSVEKGSETDAEPCCVCQEDYGDGNDIGTLDCGHDFHSSCIKQWLMQKNLCPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 248 - DNA - Glycine max

ATGCAAGGGCAGAGAGGTACAGTTGTTTCAATGCCTGAAACCTTAGAATTTGATTGTGGATCTGCATC
TGGCAATTCTACTGCGGATCCGCAAATTTGCTGGAATAATGTGAATCCTGCAGAGAATCAAATTCCTG
ATTATATACTTTCTCCTTGTGATATGAACTCATCCTATGAGAATTCTATTATTAATCATGAATGGCAA
AATTTGAGTGGATGGAGCTTAGGGGAGCCAAGTTCTAGTAATACACCAAATGAGATCAACAATAATGA
GCAAAAAAAGAGAACTTGGATGGTCATCAACCATTACTGCTGGTGCATTGGCTGGTCCAAGCCTAGAAG
AAAGGCGCCTTGAACCAACCAATGCTCTTTCACTAGACAATGTCAATACAGGTCCTATCTACATCTGT
AGCCCCAATTCTCATTTGATGTCCCAGAATCTCAACTTAAATGCAGGTTTAGCGGACAGTGGCAGTGA
TGATAGTCAACATCTGGAGCTCCCTAACTTAAACAAGTCTAGTGGGTCAGCAAACGAGTGTATACCAC
CTAATGTTGGATCTGGTTCTTTTCTGCTTCCTTCTGGAAATAATGCCTTCCTGGTAGAAGATACTGAT
GGTAGGCCTAGTTGTTCTCTTGATACTCGGCGGGTCTCTTGTAAACGAAAGGCTGTTGAAGGAAATAA
TGGACAATCGTCAGATGCTGGGAGTTCTAGCTACAGTCAGCATACGGATGGTAGTGCTTGGCACACCA
TTCCTACTCAGGATAATGCTGGAAGCAGTTCGAGAAGATCTATTCCCTCAGAAGAGGTAAACGCAAGA
CTTGGCCTGGGTATCGGGGATGAAGCATCTGAAAATGTTTCTGATTCAAACACTGCAGGATGCTCAGA
AAGCTTTCACAGGAATTTCCGTTTGAGGTTAAATCCTTCAAACCCAGCAAATTCTGTTCCTCCCACCG
CATTCTCAACTGGGAGCATGATTAGGCATTCTGGTGTTTCTCCATCCTCTCAAGTATCACAAAGGCTT
CATTCTGTTGATAATTCTATGAACTCGAGGTCAGCACCACCGATAGATAATGTGGTTCCTCAAAGCCA
GCCACATGTAATCCATGTCCCTGCTTTGCCCAGGAATAGACAATCATTTAGATGGAGTGGTGGTTCTA
GCTCCAGAAACATCCATTCATCAAACTCAATTATATGCCCAGCCAGGGATCAGGAGGATGCAAGCTCA
AGAAGAATGTCCAGAAATATGTTAGAACATCCAGTCTTTCAACCTGCAACTGATTTAAGCAATTTAGT
TCAAAATCCAACAGTTAGAGCTTCAAGTTCAAGTAGTGTAAATTTAAGTATTCCAGGAAATGTTGCTT

FIGURA 19 cont.

CATCACAGACTGGATCAAATCCAGCTACCAATCCCTCATCTGCCCCAACTTGGGTTTCTCCTCCTAAT
CCTCCACAGCATCCACAGAGGTTATCTGAATATGTCCGTCGGTCCTTGTTTTCTCCCAGTTCTGATGC
TACTGGAAGTCCAAGCAATAATTTTTCTTCCTTGCGCTCTGGTTTTTCTACATCTGAACCAAGGGCGT
TATCATCTGGGAGTGGGGCAAACCCGAGATCATCTTCATGGTTGGAGAGGCAAGGAGGTAGTGAATTT
GGAATTCCTTATTCACTACGTACTTTGGCTGTTGCAAGTGAAGGAAGTAGTAGACTTGTATCTGAGGA
TGTTGTGATCCTTGAGCATCAATCATTTCTTTCTAGAATAGCTGATGTTCATGATCGACACAGGGATA
TGCGACTTGATGTTGATAACATGTCTTATGAGGAGTTGTTGGCTCTGGAAGAGCGCATTGGAAATGTG
AGTACTGGATTGAGTGAGGAAACCCTATCGAAACTCTTGAAACAGAGAAAACACTCGGTTGAAAAAGG
GTCTGAGACTGATGCAGAACCCTGTTGTGTTTGTCAGGAGGATTATGGTGATGGGAATGATATTGGAA
CGCTTGATTGTGGCCATGATTTCCATAGCAGCTGTATCAAACAGTGGCTAATGCATAAGAATCTGTGT
CCCATTTGTAAGACAACGGGCTTGGCAACATGA

SEQ ID NO: 249 - proteína - Glycine max

MQGQRGTVVSMPETLEFDCGSASGNSTADPQICWNNVNPAENQIPDYILSPCDMNSSYENSIINHEWQ
NLSGWSLGEPSSSNTPNEINNNEQKRELGWSSTITAGALAGPSLEERRLEPTNALSLDNVNTGPIYIC
SPNSHLMSQNLNLNAGLADSGSDDSQHLELPNLNKSSGSANECIPPNVGSGSFLLPSGNNAFLVEDTD
GRPSCSLDTRRVSCKRKAVEGNNGQSSDAGSSSYSQHTDGSANHTIPTQDNAGSSSRRSIPSEEVNAR
LGLGIGDEASENVSDSNTAGCSESFHRNFRLRLNPSNPANSVPPTAFSTGSMIRHSGVSPSSQVSQRL
HSVDNSMNSRSAPPIDNVVPQSQPHVIHVFALPRNRQSFRWSGGSSSRNIHSSNSIICPARDQEDASS
RRMSRNMLEHPVFQPATDLSNLVQNPTVRASSSSSVNLSIPGNVASSQTGSNPATNPSSAPTWVSPPN
PPQHPQRLSEYVRRSLFSPSSDATGSPSNNFSSLRSGFSTSEPRALSSGSGANPRSSSWLERQGGSEF
GIPYSLRTLAVASEGSSRLVSEDVVTLEHQSFLSRIADVHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNV
STGLSEETLSKLLKQRKHSVEKGSETDAEPCCVCQEDYGDGNDIGTLDCGHDFHSSCIKQWLMHKNLC
PICKTTGLAT

SEQ ID NO: 250 - DNA - Zinnia elegans

CCGGAAGATTTAACTATGTGGACTGTAGGTGAACCTGGTTCAAGTTCAGAACCTTCATCAAGTTTGCT
TTCTTTGGGTGACCGTGGTTCATCCAGCTCATCATTTTCTGACCCGTTTGGACCGTCTTCTGATCCAT
TTGAGTTAGAGGCCCGTCAAGTCACTCGTAAAAGAAAAGCAGTTGAATTAACTATTGGGCAGTCTTCT
TCTGGTGTCGGTAGTTCAACCATGTTTCAAGGATCTGAAGGTGGTCCTCCTGCAGACCCGACTATCCC
TCGACTTGGGCTGAGTATCGGCGAACACCCTGTTGTGGAAAACACTCGCAGAAATGTTGGTTTGAGGA
TTAATTCTGCCCGTCAACAAGTTGACGCGTTGCCCGCTAATAACGCCAACCGGGAATCTGATGTTTCG
GTTCTGAGACTTAATACGCCAGCCGAGAGTTCATTAACTCATCAGGGTCAGCCTGTCTTACGGGTTCC
TGCATTACGAAGAAATTTCCAATCAACTTCAAGATGGAGAGCAAGCCGATCAGCAAATGTTGCTATGT
CAGGTGCTCGGAACGAGGTCGATTCGATTTCCGATCATCCTCTATTTACACCGCCAAGTAATGCAACA
ACCCCCTCCCAAACCGAACTCAACTGGAGTTCAAACAGTGGTGGAAATGGACCGAGTTCTGGGTCTTC
AACAAGTCATCATTCTCGAAGACTATCGGCATTCCTTCGGAGGTCTTTGTTGCCGGTTGCTGATCCAG
AGGATGGTGTAGGACAAAATGGTAATATTTTCCCAAGAGTTCCTCCGGCTTTGAGTGGTTCATCTTCT
TCTTCTCAAGACGTTGGAGTTCCGCCAGGTCAGCATAATCAACCGCTCTCGAGATCGTCTTTGTTGCT
TGGCAGACAGCTCGAGGGAGTGTTTGCTTTCCCACATCATTCACGGACAGCGACACCCAACAGTGAAG
GAAGAGGCAGACTAGTGTCAGAGATTCGCCAGATTCGCAATGTACTGGATCTTATGCGCAGGGGTGAA
CCTTTGAGGTTTGAGGATCTTATGATCTTAGATCAATCGGTGTTCTATGGTGTTGCGGATATACACGA
TAGGCACCGAGATATGAGGCTCGATATAGATAATATGTCATATGAGGAGCTACTTGCATTGGAAGAAC
GCATAGGAAATGTGAACACTGGTTTGACCGAAGAAACAATTTTAAAGCATATCAGGCAGAAACAGTAC

FIGURA 19 cont.

GTGGTTGGAAACGGGTCAGCCCGATGCAGACCTTGCTGCATATGTCAGGAGGAATACAAGGATGGAGA
CGATCTCGGAACGCTCGACTGCACGCATGACTTCCATTATGGTTGCATCAAACAATGGTTACAACAAA
AGAACTTGTGCCCGACTTGTAAGTCGACCGGGTTTGCGTCTACTTGAACAGAAACGGCCCGTCATGAA
GATTATATGGTTTCTTGGATCGCAAGTAACTTAGTAAGGTGTTGTCTTTGGGTAAACTGTTGGCAAAT
GGTATTCTTTGCCTGTTACATTGTTAGAGATTTATTTATGTTACTTTATTGTATTCTTTTTTCATGAT
GAACCAAAGGCACAACTCATGTTAAGTT

SEQ ID NO: 251 - proteína - Zinnia elegans

MWTVGEPGSSSEPSSSLLSLGDRGSSSSSFSDPFGPSSDPFFELEARQVTRKRKAVELTIGQSSSGVGS
STMFQGSEGGPPADPTIPRLGLSIGEHPVVENTRRNVGLRINSARQQVDALPANNANRESDVSVLRLN
TPAESSLTHQGQPVLRVPALRRNFQSTSRWRASRSANVAMSGARNEVDSISDHPLFTPPSNATTPSQT
ELNWSSNSGGNGPSSGSSTSHHSPRLSAFLRRSLLPVADPEDGVGQNGNIFPRVPPALSGSSSSSQDV
GVPPGQHNQPLSRSSLLLGRQLEGVFAFPHHSRTATPNSEGRGRLVSEIRQIRNVLDLMRRGEPLRFE
DLMILDQSVFYGVADIHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVNTGLTEETILKHIRQKQYVVGNG
SARCRPCCICQEEYKDGDDLGTLDCTHDFHYGCIKQWLQQKNLCPTCKSTGFAST

SEQ ID NO: 252 - DNA - Lotus japonicus

TATTGCTGCACACAACCGCTTGCTTTATTTCATTGTCTCCTTCTTTCTTTCTTTCTTTCTCAGAACAA
GAACAACCCTCTTCTTCTGTTTCTGCTTCTCTCTGTAACTTTCTCTCTCATCATCTTGCGTGTTCAAG
ATCGTTACTCAACCGTCATCGGATTCTCACCGATTCACAAGGCAGGTTTCTTTGTGCTGTTGATCTGT
TGTACATGATTACATCTGCATGCACTGATTGTGATTATTTGCACATCTGACTCAATTAGTCTATTTTG
ACTCCCGGGGATTGCAAGTAACAGTTATGGGGCATAGACATTTGTATAACACAACCCCATTGTTTGAG
GGTGAGCCTGACCAGAATTGGAATCATATGCATACTGATCAACATTATGTGAACCTTGGTAGGACTAG
CACTGCAGAGAATGGTTCCTATTTTTATCCTGTGGAAAATGTGTCCATAGATAGCACTTCTTTCCCCT
CTCATTGGAACCCTGCAACAAGGTCAAATGGATATGCATCTTCAAGTCTCAACATTGAAGTACCTCCT
CATCAATCAGATACATCAGGCGCTTCAAATGATCATTTTATACATTCGTCTAGTGCTGGAGCTTTCTT
TGCAGTATCTAATAATTGTGTGCCTCAGCCGCCTGCGGCCAATTATGACAGACCACCATTTCAGGTTG
ATGGTGGTTTTATTGATCTTACGATGGGAAGTGGACGAGGGCCTCACAAGCGAAAGAGCCCTGGAATT
CCATCAGTCTATGAGAGAGGCGGTTCAAGCAGATATTTCAATGCTGGGAGTTCAACTGATGTTCCTAT
ATCTTCAGAATCGCGGCCCGAGAAGCCAAATATAGATTCTCAATATATGCCCTGGGATCATGTTCCTA
TGACATCCACAGTCAGAGGTGCAGGCCACTCAATAAAGGGTGAGAGTTCTTTGAGGAATGTGAGGAGC
CGTTCTGCACTTGATTTGGAATCCAACCTTTCTAGGACCCATTTACCAAGTAATCATTCGCACAACTC
CTACTCTACTATCCCACCAGTTGACCATTCTAGCATGATGGATCTTTCAGGTCAGATTTCTACCTCTT
TGACAGGGGATTGGAGCCAAATGAACATATCTCCTGCTAATGGAAGGGTGTTATTACCAGATGCCGGT
GCTTATGGTCTTGAGTCAAGTCACTTCCTTGCTGGAAGTGGTGCTACTGCTAGTAATGCTTCTGTTGA
TGTTGGGAGCTTCCATCATGAATTTGGTACAAGCAGAAATCCTACTGGTCCTCAAAGTTTTCATAATC
TGACTCAGACTGCTAGGGGAATCCGAAGTAACTATTCTCAGAGATCAGCCCCTACTTTTAGGGCTTCT
TCAAGCACGCACTTGGGACATGTGACACCATTGGATGATGGATTGCCCATGGTAGCTGAAAGTTACTC
TTCTAGACATCAAAGGCCATTATCCAGCATTGGATGGCGGAACAGTGATCGAAATGGGAGGGCAAGAA
TTTCTAGTGAAAGATATCGATCATTGGCTAATGAGGCCGGTCTCCATGGTCGAATTTCCCCTGAGGTT
TTCATGATTGTCGATCGCGCATCAATGTATGGTTCAAGGAATATGCTTGACCAGCACAGAGACATGAG
GATGGACATAGATAACATGAGCTATGAGGAACTACTTGCACTTGGTGAGAGGATTGGCCATGTTAACA
CGGGATTATCCGAGGATTCGTTTTCCCAGTGTATGACAGAAACAATATATTGTTCATCTGAGCAAGGT
CAAGACGAAGGAAGCTGTGTAATCTGTCTGGAAGAATACAAGAACATGGACGATGTTGGGACACTTAA

FIGURA 19 cont.

AACTTGTGGACATGATTACCATGTGAACTGCATTAAGAAGTGGTTATCTATGAAGAAACTATGTCCTA
TCTGCAAAGCTTCTGTTATGCCCGAGGATAAGATGAACAAATAAATAAATTATACTGTAGTATGATTA
ATCTCACTCTGTATATATATTTGGACATCCTTCAAAGTGGAGGAAACAGACTTGCTTTTAGAGAAGTT
GAACAGGACTGCTACTGTGTTCATGTATTTATTTTAGTCTTTGAATTCAATTAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 253 - proteína - Lotus japonicus

MGHRHLYNTTPLFEGEPDQNWNHMHTDQHYVNLGRTSTAENGSYFYPVENVSIDSTSFPSHWNPATRS
NGYASSSLNIEVPPHQSDTSGASNDHFIHSSSAGAFFAVSNNCVPQPPAANYDRPPFQVDGGFIDLTM
GSGRGPHKRKSPGIPSVYERGGSSRYFNAGSSTDVPISSESRPEKPNIDSQYMPWDHVPMTSTVRGAG
HSIKGESSLRNVRGRSALDLESNLSRTHLPSNHSHNSYSTIPPVDHSSMMDLSGQISTSLTGDWSQMN
ISPANGRVLLPDAGAYGLESSHFLAGSGATASNASVDVGSFHHEFGTSRNPTGPQSFHNLTQTARGIR
SNYSQRSAPTFRASSSTHLGHVTPLDDGLPMVAESYSSRHQRPLSSIGWRNSDRNGRARISSERYRSL
ANEAGLHGRISPEVFMIVDRASMYGSRNMLDQHRDMRMDIDNMSYEELLALGERIGHVNTGLSEDSFS
QCMTETIYCSSEQGQDEGSCVICLEEYKNMDDVGTLKTCGHDYHVNCIKKWLSMKKLCPICKASVMPE
DKMNK

SEQ ID NO: 254 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGATAGGTGGTCCAGTAAAAGAGCCATGGAGGCGAGACCTGACTCTAAGAAGAAGGGTGGTGTTGT
TTTTAGAGATAGATTTAACAGCAATAGTTGCAAGGTTCCTATTTGTAGTGATGAGAAAAAATCAATGA
ACTTTACTAGGTTTGTTGGCTCTTCAGATAAGAAAGAGAAATCAGTGTTGTCTACATACCGCTCTTCG
CCAAACGGGAAGGAAGTAATTGGAACTTCCTCTAAGATTTGTATCTCTAGCTCCTCTTCTGTGAAAAG
TGGTGAGAAGCAACCGTTTTCTCAGATAGCCATTGATTCATCAGAGAGCAGCAGAGGTAGTGAAGACG
AGGTAGAGTCAGAAATCTTGCAAGTTCCTCTTGGAAGAGATAAAAGAAGAATGAACAATAAACTTATT
TATGGAAAAGTTATAACACCTGAAGCGGAATGCTCAAAGTTGCCATCAAGCTCAAGAATCAAGAGAGG
TTTTAGGCAGAGATTTGGGTTGAGCAAGCAAGAGTTTCATCCTGGTCCATCTGGCCAGTCAACATCTG
CTAACCGGGGATGCAGCCCGTTGTTGTCAGGTGTCATTCCAAGTGGTTTTGGATTGGACAAAAGATTA
AGTCGGAAGGCAGATACAATCAGTAAGACAAAAGTTTACGGAGAAAGCAGTTCTAGCTCCTCAGCTAG
GGGGAAGAATGTAACAGAACCTCCACCAGTTGAAGTGAGACGTCGTAGTTTTAATCCGAGAGGTTCTG
TTTCTGATAGTAGACGGGCTAGACACTGCATTTTGGATGATGACAACGATGTTGCTTCAGTTGGGAGT
CAGAGATTGGCAAATAGAAATAATAGTCGCATTAGAGGGAGTGGTAGAGACGGTTTATCCTCTGTCAC
GGCAGCAGAGATGTCTCAGACTGAAACATCAAACAATCTCAATTCTCCTGTCTCTTTGGAGCTGTTCT
CTGGTTTTCCAGAATTTGGCCTCTCTGGTTCCTTATTGAGTCATGACAGTTTTCGCAGTTATAATTTA
GATGGGATCTCCGAGATTCTGCCAGAACTTGATAGGATCGAACAAGATATCGAACTTAATTATGAGGA
TCTGCTTATCATGGAAACAGGTTTACTTCTCGGTGGACTAAGCTTCCATGACCAACACCGAGACATGA
GGCTAGACATCGATAACATGTCATATGAGGAACTATTAGCTCTAGAAGAGAGGATTGGTACAGTAAGC
ACTGCTTTGACAGAAGAAGCAATATCAAAGTGCTTGAAAACAAGTATCTATCAGATGAAACCTTTGAG
TTATGGGTCTATCACCAAAAGTCCTAGTGATAACAAGGAAGATGCCAAATGCAGCATCTGCCAGGAAG
AATATACGATTGGAGATGAAGTTGGGAGGCTACACTGTGAGCACACATACCATGTGAAGTGTGTGCAA
GAGTGGTTGCGGATAAAGAGTTGGTGCCCAATCTGCAAAGCCACAGCCGAAACCTCCTCTAAATAA

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 255 - proteína - Arabidopsis thaliana

MDRWSSKRAMEARPDSKKKGGVVFRDRFNSNSCKVPICSDEKKSMNFTRFVGSSDKKEKSVLSTYRSS
PNGKEVIGTSSKICISSSSSVKSGEKQPFSQIAIDSSESSRGSEDEVESEILQVPLGRDKRRMNNKLI
YGKVITPEAECSKLPSSSRIKRGFFQRFGLSKQEFHPGPSGQSTSANRGCSPLLSGVIPSGFGLDKRL
SRKADTISKTKVYGESSSSSSSARGKNVTEPPPVEVERRRSFNPRGSVSDSRRARHCILDDDNDVASVGS
QRLANRNNSRIRGSGRDGLSSVTAAEMSQTETSNNLNSPVSLELFSGFPEFGLSGSLLSHDSFRSYNL
DGISEILPELDRIEQDIELNYEDLLIMETGLLLGGLSFHDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGTVS
TALTEEAISKCLKTSIYQMKPLSYGSITKSPSDNKEDAKCSICQEEYTIGDEVGRLHCEHTYHVKCVQ
EWLRIKSWCPICKATAETSSK

SEQ ID NO: 256 - proteína - Arabidopsis thaliana

ATGGGACAAAGAAATAGGAATGTTGATTTAGAAATGGAGCAGCAGCAATCTCAAGCTTCTCTCCAAGC
AGAGCCTTGCATCCTTTTAGGCAGCTTTCCGCAACAACCGGATAATAATAATATGCCTGCTATGGTTG
CACACGTTCCTAATTTAGAACCTCATTCTCTTCAAGACCCAACTTATGACAACTCGGCCATGTTCTAC
GGGCTTCCTCAGTATCATCATCATCCTCACCAGCGTGTTCCAACGAATTTCTATGTTCCCTATGTGGC
ATTTCAGGCTCCTCCGGGTCAGTTACCATCTTCAAGCAGTCACGGTGTAGTTGGTGTAAGTCCTGATC
ATGAATACGAAAGAAATGCTCATTTTATGGATCACACAAGAGGGACATACAAGCGAAAGAACGCTGAA
GGAATACCCGGACAACCTCAATATTTAAGTACCTTAGCAGCTCCATTTAACACACCGGAGACAATAGC
CCCTTTTGGAGGCGCTAGGAACAGACCAGGAGCTGTTACAGTGAACACTGTTCTTCCTTCTCATGCTC
CAAACAACTTCATTCAAGGAAACTATGCAGGTCATCATCCTTTTCCACCTCCTGGCTCAATGTGGTAT
GATCAACACCACGGCAGATCTGATGGCTCACCTTCGTTCTGGCCCACACCTTACATGCACGGTAGTAA
CATTTTCGCTGGTTCCATAGAGTCTAGTAGCAGAAACCCTACATCATTTATGTATCCTTCTCAGTTAA
ACCCGAGGGACCACTATTATAGTCATCATCACCACCCGGCACCTCCTCCTGTACAAGGCATGAGAGGC
CAGAATGCCACATTATATCCCCACACAGCTTCTTCTGCTTCATACAGAGTTCCTCCAGGGAGTTTTAC
TCCTCAGAACACAATGAATAGTGGTCCCTTGGGGTCAGAGATGGGCTCGAGTCACATGGGTCCGGTTC
AACCAACCGGGTTTCGGATATACCAGCATCATCAGCGAGATGATTCTGTACCTGTAGCAACTCTTAGA
CAACACCGTGGAGGAGTTCCTCGGCTTAGAGTGATGCCTGATGATGAAGTTGCGCTTTTGGAGTTTGG
AGACTTCCTTGGTGGTTCTGGAAATAATCACATTGATCATCATCGAGATATGCGATTGGACATCGAGG
AAATGTCTTACGAGGAGCTTCTTGCTTTGAGTGAGCGAATTGGAACAGTAAACACTGGGTTGCCGGAG
GAAGATGTTAAGAATCATTTGAAAACAAGAACATGTTCTGGAATCAACTTTGAAAAAGAGTCGTCGTC
CCCACGAACTAAAGATTTAGAAACCGAACCGTGCACTATATGTCAGGAAAGCTTCAAGAACGAAGAAA
AGATTGCGACTTTGGATTGCGGGCACGAGTATCATGCAGAGTGCTTGGAGAAATGGCTGATTGTGAAG
AACGTTTGCCCAATCTGTAAATCAGAGGCACTGGTCATGGAGAAGAGAAAGGTATAG

SEQ ID NO: 257 - proteína - Arabidopsis thaliana

MGQRNRNVDLEMEQQQSQASLQAEFCILLGSFPQQPDNNNMPAMVAHVPNLEPHSLQDPTYDNSAMFY
GLPQYHHHPHQRVPTNFYVPYVAFQAPPGQLPSSSSHGVVGVSPDHEYERNAHFMDHTRGTYKRKNAE
GIPGQPQYLSTLAAPFNTPETIAPFGGARNRPGAVTVNTVLPSHAFNNFIQGNYAGHHPFPPPGSMWY
DQHHGRSDGSPSFWPTPYMHGSNIFAGSIESSSRNPTSFMYPSQLNPRDHYYSHHHHPAPPPVQGMRG
QNATLYPHTASSASYRVPPGSFTPQNTMNSGPLGSEMGSSHMGPVQPTGFRIYQHHQRDDSVPVATLR
QHRGGVPRLRVMPDDEVALLEFGDFLGGSGNNHIDHHRDMRLDIEEMSYEELLALSERIGTVNTGLPE
EDVKNHLKTRTCSGINFEKESSSPRTKDLETEPCTICQESFKNEEKIATLDCGHEYHAECLEKWLIVK
NVCPICKSEALVMEKRKV

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 258 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGGGCACAGACATTTTCTTGGTTCATCCCAGTTTTTTGATGATGAACATGATCAAGGCTGGAATCA
TACACACCCAGAACATCCATATTCGAGTCAAGCAACATCTGGGACCAGTGAGAACAGATCACATGTTT
ATCCAGCAGAAAACATGTTGAATGAAGGAATGCCAGTGTCTTCTCATTGGAACTCTTCTCCAGGACCA
AATGCTTATACTGACTCAGGTCATAGTGTGGAGAGACCACACTACAATCCGGGGGTTTCGGGGCCGTC
CCATGATCCTTCCGTGAATTCAACAGTTCCAACTTTCTCTGCTCCACATGAGAATTATGTGACATTTG
CATCTTCTTCAAGCTACAACAGCCAGACATGGTCAAATGCTAGTTATGTTGATCATCAATCTATGGAA
AGTGTGAGAGGAGCACAAAAGAGAAAACGACCATGTCCTTCTTCCATCTATGAAATGGGTAGTTCAAG
CCAATATCACGGTGACAGAACTCCTGCAGACACTCATTTCCCCTCGGAATTGCACTTGGGAAAATCAA
TAACGCATGATCATGACCCTCATTACATGCCATGGCTTATGAACCCAACTTACAGAAGTAATAATCTC
TCGATCAGGGGAGAGAGCTCTTCAAGGAATGTCCGGAGTCGTCCTACACTTGATTCAGAGACCAGCTT
AGGTAGAAATAATTTGCCAAGAAGCTTGAGCCTTGATTCTCATTCTACACACCACCACAGTGTTGATC
ATTATGGCTCAGGTCAATTTCCTGGTCAGACATCTCACGGAAATAAAGACTGGAACTGTGCTAGATTG
TCCCCAGTTCTTAGAGATATAAATGGCTTTAGTCCAGAGACAAATAATTTCCTTCCTGCAAGAAGTGT
TGTCAACAGCTTATCTGTTAATACTTCCGGCTATCATCACCATGAGCTTACCGGAAACAGAAACCCTA
CAGTTTCCCACGGGGTTCCTGGAACTTCAACACTATCTACAAGCAGCAGCCGCTTCTCTCATAGGTCA
ACATCCACCTATAGATCTTCTTCACACGGTTCGCGATCGGGACATGTAGCATCTTCTTCTGGAGACAG
GTCTCATTTGGTCACTGAGACTTATCCGTCTAGGCATTTAAGGCCACCACCACACATTTCATGGCGTA
GCGGTGATCGGCCAGGGAGACGCAGAAGTTCCTATGAGAGGTTTCAGCCTCCTTTCGATGAAGTTGCT
CTCCACGAACGGTTTTCATCTGAGGAATTCATGGTTGAAGATCGCCAACCACAATACTACGGATCCAG
AAACATGCTTGATCACCACAGAGACATGAGGCTTGACATCGATAACATGAGCTATGAGGAACTCCTTG
ATCTTGGAGAAAGGATTGGGAGTGTCAACACTGGTCTATCCGACAGCGCAATCTCCAGTTGCTTGTTA
GCAACAATGTATTATCCATCATATCAAACAGAGGAGCAAAGAAAATGTGCAATCTGCCTGGAGGAGTA
CAAGGAAAAAGAAGAGTTAGGGGAAGTTAAGGGGTGTGGTCATGACTACCATGGGAGGTGCATCAAGA
AATGGTTGTCTATGAAGAACTCTTGCCCTATTTGCAAATCCCCTGCTTTACCTGATGCTTCTAAGAAC
TCATCATAA

SEQ ID NO: 259 - proteína - Arabidopsis thaliana

MGHRHFLGSSQFFDDEHDQGWNHTHPEHPYSSQATSGTSENRSHVYPAENMLNEGMPVSSHWNSSPGP
NAYTDSGHSVERPHYNPGVSGPSHDPSVNSTVPTFSAPHENYVTFASSSSYNSQTWSNASYVDHQSME
SVRGAQKRKRPCPSSIYEMGSSSQYHGDRTPADTHFPSELHLGKSITHDHDPHYMPWLMNPTYRSNNL
SIRGESSSRNVRSRPTLDSETSLGRNNLPRSLSLDSHSTHHHSVDHYGSGQFPGQTSHGNKDWNCARL
SPVLRDINGFSPETNNFLPARSVVNSLSVNTSGYHHHELTGNENPTVSHGVPGTSTLSTSSSRFSHRS
TSTYRSSSHGSRSGHVASSSGDRSHLVTETYPSRHLRPPPHISWRSGDRPGRRRSSYERFQPPFDEVA
LHERFSSEEFMVEDRQPQYYGSRNMLDHHRDMRLDIDNMSYEELLDLGERIGSVNTGLSDSAISSCLL
ATMYYPSYQTEEQRKCAICLEEYKEKEELGEVKGCGHDYHGRCIKKWLSMKNSCPICKSPALPDASKN
SS

SEQ ID NO: 260 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGATGGATTTAAGGGTAAAAGAACATCTAGACCGATTATGCCACGGAAAGCAAGTGGTCTTGTGTT
ACATGAGAATATGAAGAAGAAAGATGATAAGAGTGTTGTCCCTATCTGCAGTAGAATTGGTTGCAGTT
CCAGGGTTAGTTCCACTAAGGGAGATTTGATTGATCATAAAGCAAAAGCTACTGTGTCTTCGTTTCGA
TCTCCTTTGAGTGGAAAGGAAACCGTTGGTAGTTCATCTCGAAGTATGAGTGGATTTGGTGGTACAAA
AAAGGCTTCCAAGGTTATTGGTAGGAGACAACTCTCTTCTCTTTTGGACATGGATTCTTCAGAGAGCA

FIGURA 19 cont.

GCAGTGTTAATGAAGACTCACCCACAAGTGAGCGTTCCCTTCCTCGTGGAAAGACAAAAGAAAGCACT
ATTAGTGTTCATTCTGAAAGTAGTGTCTCTGGAGAAGTTGTGACAGAGGCAGGAAGCTCGAGTAGAGG
AACTGGTAGAAGCATTCATCAGAGACCTGATTTGGTCTCCCGAGATGCTCGTGTGAGTAATAGTGAGC
AAAATGCAAGAGCTAGTGTGAACAAGAATGGATTAAGAGACTTGAGGAACAAATCTGGTTCTGATGTT
CTTCCATCTAATTCAACTCCGACAAGAAAAAGTAACATCTTTAGAAAGAAAACCTCTGATGGTGAGAG
CAGCTCTTCGAGTAGAGGGAATAAGACGGAAGGATCAGTGGTTGGGGGAAAGAATATTAGTTCCCCTC
AGGGGAATGGCATCACCATGTCTGAACCTAGGAGGAACAGAAACTTACCAAGTGTTAGGGACAACAGT
GTTGTTTCAAGTAGTACTAGGAGATCAACTGGTTATTATGGTAGAACAGGACGTGCTGGAGCGGTTGC
AACACTACAAGCACCTCGGCCTCCAACAAGAGCTGATCTCAATCCTTCTAGATCGGCAGAAGCTTCGC
GTAGTCCTTTAAATAGTTACAGTAGGCCAATCAGTAGTAATGGCAGGTTACGTAGCCTGATGATGCCT
GGTAGCCCCTCAGAAGCCGGCCTTTCTCGCTCTTTGATGAACCGTGATACTTTCAGACGGTATAACAT
GAATGGAGTTGCAGAGGTATTGTTGGCCCTGGAAAGGATTGAGCAAGACGAAGAGCTTACATACGAGC
AATTGGCTGTTTTAGAGACCAATCTGTTCTTAAATGGTATGAGCAGCTTCCACGATCAGCATAGAGAT
ATGAGGCTTGACATTGACAACATGTCGTATGAGGAACTGTTAGCATTAGAGGAGAAAATGGGTACAGT
GAGCACTGCTCTAAGCGAAGAAGCGCTTCTGAAAAGCCTCAAGTCAAGTATTTACCGTCCAAACGATG
AATCCGACGACATTTGCCTGAACAAAGATGATGATGTCAAGTGCAGCATTTGCCAGGAAGAGTATGTT
GATGGAGATGAAGTAGGGACTTTGCCTTGCCAACATAAATACCACGTGAGCTGCGCGCAACAATGGCT
ACGGATGAAGAATTGGTGTCCTATATGTAAAACCTCTGCAGAATCTCAGCCACATCCATTTTCATGA

SEQ ID NO: 261 - proteína - Arabidopsis thaliana

MDGFKGKRTSRPIMPRKASGLVLHENMKKKDDKSVVPICSRIGCSSRVSSTKGDLIDHKAKATVSSFR
SPLSGKETVGSSSRSMSGFGGTKKASKVIGRRQLSSLLDMDSSESSSVNEDSPTSERSLPRGKTKEST
ISVHSESSVSGEVVTEAGSSSRGTGRSIHQRPDLVSRDARVSNSEQNARASVNKNGLRDLRNKSGSDV
LPSNSTPTRKSNIFRKKTSDGESSSSSRGNKTEGSVVGGKNISSPQGNGITMSEPRRNRNLPSVRDNS
VVSSSTRRSTGYYGRTGRAGAVATLQAPRPPTRADLNPSRSAEASRSPLNSYSRPISSNGRLRSLMMP
GSPSEAGLSRSLMNRDTFRRYNMNGVAEVLLALERIEQDEELTYEQLAVLETNLFLNGMSSFHDQHRD
MRLDIDNMSYEELLALEEKMGTVSTALSEEALLKSLKSSIYRPNDESDDICLNKDDDVKCSICQEEYV
DGDEVGTLPCQHKYHVSCAQQWLRMKNWCPICKTSAESQPHPFS

SEQ ID NO: 262 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCAGGGGGAGAGGGCCAGTCTTGGCTATTTATCAGAGGCCTTGAACTTTGAGCATGGTTCTTCTTC
AAGTAATGGTGTGATAGATCATTGGGAGAATATTCACAGTCTTGGTGATAATGACTTGCAGGATTACA
TGATTGCAAATTCTGAATCAAATACTTCGCTTGCAAACTCAGTTTATCACGAGCAACAGGGTTTACGC
AGATTTAGCCTTGGTGAGGCTAGCTCTAGTGGCACGAAGGATGAAGCTTCCAGTCACAATGAGCAACG
AATGGAAACAAGATGCTTTGACGGACGAGGAAATGAAATAATTGATTTAGACCCAGTGTTTGCGCAGC
CATCAGGCACAAATCAACCTGTTCAGAATGTCAATCTGAATGCAGAGTATATAGAAATTCACGAGGAT
ATTAATCCATATAGAGGTCGGTCTGGCTTCATAGAAGCTAATGGACCAGGGACCAGGGTCTCACAACC
TGGCAGATCTTTTGAAGAGAACGGTGTTGGAACAGGTTCTTCTGTAGAGGGACGTCGTGCATCCTGCA
AAAGAAAAGCTCTTGAAGGCAGTATTAGTCAATCTTCTTCAGGAGGTTATCATGATTTCCAGCGTGGA
GAAAGCAGTTCGTGGACCCCAGGTTCTACGGTTTTTAGGCCAGGAAATGGTTTAAACATATCTGGCTC
CCTTGACAATGGACCAAGAGGAATGGTCTCCGGTACTGTACCAAATTTTCCTGTTTCTGCACCAAATT
TTCCTGTTTCTGCCATTGCAGAGAGCTCCAGTAGAAATATATGCGTCAGGAGTAATCCCTCAGATCAT
CAAGAAACTGTAAACCCATCTACCTTTGCTGCGGGAACTGTTGTCAGGCGGCCTGTCCCTCCATCCCA

FIGURA 19 cont.

GTTGAACTTGTCAAGACACTTACCAGCAGATCAGCATTCATTGGACTTGAGACCTGGACAGTCTTTTG
TCGTTTCTCGTAACCCAAATTCTACTCCTGTGAGCATACCACCTGGTTCAAGGACTATGCTACCACCA
TTTCGGTGGACTGGGAGCTCACTAGTGGGTGGAACATCGAACTCTACTGCGCCCGTTGAGAGAAATCT
TCATCTAGATGAAACCAGGTCAAGAAGCATACCCGGGAATACTCTTGAGATTCCCATGTTTGCAGCTC
CTGAGGTAGGAAATTTTGCCCGTAGTCAGAGTAGCAGAAATGTAACAAATGGAAACCTGAATAGTGCA
TCATCAGTGTCCAGGACAGGCTCAACAACAAGTGTTCCACCACCACCACCACCATCTTCTAATCTAGC
GTGGACTTCTTACCAGAATTCACCACATTATCAAAGAAGAAGGACTGAAAGGTCTGAACTTGCACGTA
GGTCCTTGCTTTCTTCCCTTGCAGCAGATGCTACAAACCAGAGATCTGGTGATCATCCAACACTTCGT
TCGTTGGCCCCTCCTGCCTCTTCGGATGGCCTTGTGCTTCAGCCTGGTGGTGATAATAGTCAGATGCA
TAATCGGGCTTACTCGAGAGCAGGTCCGTTGTTTGATAGGCAAGGGGATAGTGTGGTTGGTATTCCTC
ATCCTTTGCGGGCCTTGGCAGCTGCAAGCAGAGGAAGAAGCAGACTTATGGTGTCCCAGATGCAGAAT
GTCTTGGATGTCATGCGTAGGGATGCTAATAATAACAACTTGCGGCTTGAGGACGTTATGCTTCTAAA
TCACTCAGTACTATTTGATGGGGCTACTGGTCATGACCGGTATAGAGACATGCGACTTGATGTGGACA
ACATGTCATATGAGGAATTGTTGGCACTAGAAGAGCGGATTGGAGATGTTTGTACCGGTGTAAACGAG
GAAACCATATCAAACCGGTTAAAGCAACGAAAATACAAAAGCAACACAAAATCTCCACAAGATGCAGA
GCCATGCTGTGTTTGTCAGGAGGAATACACCGAAGGAGAAGACATGGGGACACTAGAATGTGGGCATG
AATTCCATAGCCAATGCATTAAAGAATGGCTGAAACAGAAGAATCTTTGCCCAATCTGCAAGACTACA
GGCTTGAACACCGCGAAGAAGCGGAGGATAGCATGA

SEQ ID NO: 263 - proteína - Arabidopsis thaliana

MQGERASLGYLSEALNFEHGSSSSNGVIDHWENIHSLGDNDLQDYMIANSESNTSLANSVYHEQQGLR
RFSLGEASSSGTKDEASSHNEQRMETRCFDGRGNEIIDLDPVFAQPSGTNQPVQNVNLNAEYIEIHED
INPYRGRSGFIEANGPGTRVSQPGRSFEENGVGTGSSVEGRRASCKRKALEGSISQSSSGGYHDFQRG
ESSSWTPGSTVFRPGNGLNISGSLDNGPRGMVSGTVPNFPVSAPNFPVSAIAESSSRNICVRSNPSDH
QETVNPSTFAAGTVVRRPVPPSQLNLSRHLPADQHSLDLRPGQSFVVSRNPNSTPVSIPPGSRTMLPP
FRWTGSSLVGGTSNSTAPVERNLHLDETRSRSIPGNTLEIPMFAAPEVGNFARSQSSRNVTNGNLNSA
SSVSRTGSTTSVPPPPPPSSNLAWTSYQNSPHYQRRRTERSELARRSLLSSLAADATNQRSGDHPTLR
SLAPPASSDGLVLQPGGDNSQMHNRAYSRAGPLFDRQGDSVVGIPHPLRALAAASRGRSRLMVSQMQN
VLDVMRRDANNNNLRLEDVMLLNHSVLFDGATGHDRYRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVCTGVNE
ETISNRLKQRKYKSNTKSPQDAEPCCVCQEEYTEGEDMGTLECGHEFHSQCIKEWLKQKNLCPICKTT
GLNTAKKRRIA

SEQ ID NO: 264 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCAAGGTCCACGAAGCACTGGTGATTCATCGACTGGAATAAATTATGCAGATGGAGAACCCATCTG
TAGCACCAATTCAGAGACTACTTCCAATAACATCCTGAATCCAGTGGATGTTCAGTTTCCAAACAATA
CTACAGGTTCAGGACGACCAACTTACGCAAGCTCTAGCTCGCATGTTGTTCAAAATCATAACTGGTGG
AGTTTTGGTGAATCCAGCTCTAGATTGGGGCCTTCTGATCATTTAAATTCCAATGGTTCAAAGACTGA
TCGACAGCTTCTCTCAGATGGCTATGGATTTGAGGAAGGGCAATCAGGTATGTTGTTACCTGGAGAGT
CCTTTTTGCGTGGGTCAAGCTCTAGTCATATGTTAAGTCATGTAAATCTGGGCAAGGACATGGACATT
GGTAGTGGTCTGCAGACTTCTGGGGTCGTTATCCGCCATAATAACTGCGAGACTTCATTGGGAAGCTC
AAGTCAAACCGCAGAGGAGAGAAGCAGTGGTCCAGGTTCTTCGTTGGGTGGTCTAGGTTCATCCTGCA
AAAGAAAGGCTCTTGAAGGAGCTCCTAGCCATTCTTTCCCTGGTGAAAGTCATGGTTGCTTTTTTCAA
ACTGAGAATGGTGCTTGGAATGAGGGTCTTGCTCAATATGATGCTTCAAGTAGCTTAAGTTTGTCTAT
GCCCTCACAAAATTCTCCAAATGTTAATAATCAGTCTGGTCTACCAGAACCAAGATTTGGATTGGGTG

FIGURA 19 cont.

GTGGGAGAGCAGTTACAGCAAGTGCTTTTCCTTCTACAAGAAGCACGGAAACCATCTCTAGACCTGGC
AGGCGGTTAAATCCTGGGCAGCCACCAGAGTCAGTTGCATTCAGCTTCACACAGTCCGGTAGTTCTGT
GCGTCAGCAACAGCAGTTACCAGCAACTTCTCCTTTTGTTGACCCTCTGGATGCAAGAGCAATACCAG
TTACAGGTAGCTCAAGCAGTGGTGATGGTCAGCCAAGTATGATCCACCTTCCTGCATTGACAAGAAAT
ATACACCAATTTGCTTGGAGTGCTTCGTCTAGTTCGAGAGCAAACAGTATGCCTGAAGAGGGATTGTC
ACCATGGGACGCGCCAAGAATAAACTCAGAGCAGCCAGTCTTTACTACACCTGCAAATGAAACGAGAA
ATCCAGTGCAGGATCAGTTTTGTTGGAGTTTCACTCGTGGAAACCCTAGTACATCTGGAGATTCTCCC
TTTGTTCCTCGAGCAGGATCGAGTTCAGGGATCCATGGTTTGCAGCCGAATCCCACTTGGGTTACTCC
CCATAATCAATCAAGAATATCAGAAGTTGCTCCGTGGTCTTTATTTCCTAGTATCGAATCTGAATCTG
CTACTCATGGTGCTTCTCTTCCATTACTACCCACAGGGCCTTCTGTTTCCTCGAATGAAGCTGCAGCG
CCGTCTGGATCTAGTAGTCGTAGTCATCGCTCTCGACAAAGAAGATCGGGATTATTACTGGAAAGGCA
AAATGATCATCTCCATTTGCGTCACTTAGGAAGAAGCTTAGCTGCTGATAATGATGGAAGGAACCGGC
TGATTTCCGAGATACGGCAGGTGTTGAGTGCCATGCGAAGAGGGGAGAATTTACGGTTTGAGGATTAT
ATGGTATTCGATCCACTGATCTACCAAGGTATGGCCGAGATGCATGATAGGCATCGGGATATGCGTCT
TGATGTTGATAACATGTCATATGAGGAGCTATTGGCACTTGGGGAACGCATAGGAGATGTGAGCACTG
GTCTAAGCGAAGAGGTGATCCTGAAAGTAATGAAACAGCACAAACATACATCATCCGCTGCTGGCTCT
CACCAGGACATGGAGCCTTGCTGTGTCTGTCAGGAAGAGTATGCAGAAGGAGATGATCTTGGAACACT
GGGATGTGGTCATGAATTTCACACTGCCTGCGTCAAGCAATGGCTGATGCTCAAGAATCTCTGCCCAA
TTTGTAAGACTGTGGCTTTATCGACATAA

SEQ ID NO: 265 - proteína - Arabidopsis thaliana

MQGPRSTGDSSTGINYADGEPICSTNSETTSNNILNPVDVQFPNNTTGSGRPTYASSSSHVVQNHNWW
SFGESSSRLGPSDHLNSNGSKTDRQLLSDGYGFEEGQSGMLLPGESFLRGSSSSHMLSHVNLGKDMDI
GSGLQTSGVVIRHNNCETSLGSSSQTAEERSSGPGSSLGGLGSSCKRKALEGAPSHSFPGESHGCFFQ
TENGAWNEGLAQYDASSSLSLSMPSQNSPNVNNQSGLPEPRFGLGGGRAVTASAFPSTRSTETISRPG
RRLNPGQPPESVAFSFTQSGSSVRQQQQLPATSPFVDPLDARAIPVTGSSSSGDGQPSMIHLPALTRN
IHQFAWSASSSSRANSMPEEGLSPWDAPRINSEQPVETTPANETRNPVQDQFCWSFTRGNPSTSGDSP
FVPRAGSSSGIHGLQPNPTWVTPHNQSRISEVAPWSLFPSIESESATHGASLPLLPTGPSVSSNEAAA
PSGSSSRSHRSRQRRSGLLLERQNDHLHLRHLGRSLAADNDGRNRLISEIRQVLSAMRRGENLRFEDY
MVFDPLIYQGMAEMHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALGERIGDVSTGLSEEVILKVMKQHKHTSSAAGS
HQDMEPCCVCQEEYAEGDDLGTLGCGHEFHTACVKQWLMLKNLCPICKTVALST

SEQ ID NO: 266 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCAGGGAGAGAGGGCTAGTCTTGGTTCTTTATCAAAGGCTTTGAACTTTGAGCGCGGTTCTACGTC
TAGTAACGCTGTGGTAGATCAGCAAATTCGTTGGGAGAATCTTCACAATTATGGTGATAATGATTTGC
AGGATTACATGAGTTCAGCTGCTGATACAAATCCTACTTTTGCAAACTCAGTTTATCATGAGAAACGG
GGCTTGCAGAGGTTTAACATTGGTGAGGCTAGCTCTAGTGGGACGAAGAACGAAGGGGCAAGTCTCAC
TGAACAATGGAAGGGAATTGGAAGGTTTGAGGAACAGAGGAATGATAAGCTTGAGTTGAGCCCTTTGT
TTGTGCAACCATCTAATGGAAGCCGCGTGGTTCGTGATGTCAATCTAAATGCAGAATACAATGAGCAT
CTTGAGGATATGAATCCGGTTACAGTTCATCCTGGTCATTTTGAGGTTAATGGACTTAGGTCTGAGTT
TTTACTAGATAACAGTGTTAGAGCTGGTTCCTCTGTTGATGGACGTCGTGCATCCTGTAAAAGAAAAG
CTCTTGATGCAAGCGGTGGTCAGTCCTCTTCAACTGGAGGTTTCCGTGAGTTCCAGCGTGGAGTATCC
AGTTCTTGGATCTCAGGTCCTACGTATTACAGCCCAGCAATGACAGCAAATGATTTAAACATATCTCT
TGATCATGGTCGAAGGGGTTTGGTATCTAGCGCTGTTCCAAATCTATCTCCTCCTACCATCACAGAGA

FIGURA 19 cont.

GCTCTAGTAGAAATTACCCTGTCTGGGTTAATCCCACATATCAACAAGAAACCGTAAGCAATTTTGCT
CCATCCTTGAACTCACCAGGGCTTATACCTGCAGATCACCAGCAGATCAGCATGAGATATGGACATGC
GTTAGGCAATTTTGCATCTCAGAACCCAAATGCTCCTGCTACTCATATGCCCCCTGTTTCAAGAAATA
CATTTCAATGGAACACAAGCCCCGTGGCAGCGGTTATATCATCTAGTTCTGCTACTCCTGTTGACAGA
AATGTTATTCATCGAAATGCAACCAGACAAAGAAGTAATACTCTAGAGATTCCCTTGTTTGTCCCAGC
TCCTGAACTGAGAAATGTGGCCCATGGTCATATTAGCAGAAATGCAAGTGGTGCTAGACATGTTGCAT
CGTCTTCATCCAGGACAAGTGTTCAGCCATCACCGTCTAGTCCAGCATTGACTCCTTACCAGAATAAC
TCACTACATAATCAAAGAAGATTATCTGAAAACTTTCGTAGGTCATTGCTTTCTTCCCTTGTTACACA
GCAGAGGGCTGCTCGTTCATTGGCCCATCCTGCCTCTCCAAATGAGCACGTGCTTCAATCTGGTGGTG
ATAACACCTCTCAGGTGCATAATCGAGCTTCCTCGAGAGCAGGTCCAAGACAAGGGCAAGATGCAACT
GGCATTTCTCATTCTTTGCGAGGCTTGGCATCCACAAGTCGAGGAAGAACCAGAATGGGGGCATCCGA
GATCCGTAACATCTTGGAGCACATGCGTAGAGCAGGGAACTTGCGTTTGGAGGATGTTATGCTTCTCA
ATCAGTCCATAATGCTAGGTGCGGCTGATATTCATGACCGATATAGAGACATGCGACTTGATGTTGAC
AACATGACATATGAGGAGCTGTTGTCTCTAGAAGAACGGATTGGAGATGTTTGTACCGGTTTGAACGA
GGAAACCATATCAAACCGATTGAAGCAGCAGAAGTACAAAAGTAGTACTAGATCTTCACAAGAAGTAG
AACCATGCTGTGTTTGTCAGGAGGAATATAAGGAAGAAGAAGAAATAGGAAGGCTGGAATGTGGACAC
GACTTTCATAGTCAATGCATCAAAGAATGGCTGAAGCAGAAGAATCTTTGCCCGATTTGCAAAACAAC
AGGATTAAACACTGCAAATAAGCCACAAAGATAA

SEQ ID NO: 267 - proteína - Arabidopsis thaliana

MQGERASLGSLSKALNFERGSTSSNAVVDQQIRWENLHNYGDNDLQDYMSSAADTNPTFANSVYHEKR
GLQRFNIGEASSSGTKNEGASLTEQWKGIGRFEEQRNDKLELSPLFVQPSNGSRVVRDVNLNAEYNEH
LEDMNPVTVHPGHFEVNGLRSEFLLDNSVRAGSSVDGRRASCKRKALDASGGQSSSIGGFREFQRGVS
SSWISGPTYYSPAMTANDLNISLDHGRRGLVSSAVPNLSPPTITESSSRNYPVWVNPTYQQETVSNFA
PSLNSPGLIPADHQQISMRYGHALGNFASQNPNAPATHMPPVSRNTFQWNTSPVAAVISSSSATPVDR
NVIHRNATRQRSNTLEIPLFVPAPELRNVAHGHISRNASGARHVASSSSRTSVQPSPSSPALTPYQNN
SLHNQRRLSENFRRSLLSSLVTQQRAARSLAHPASPNEHVLQSGGDNTSQVHNRASSRAGPRQGQDAT
GISHSLRGLASTSRGRTRMGASEIRNILEHMRRAGNLRLEDVMLLNQSIMLGAADIHDRYRDMRLDVD
NMTYEELLSLEERIGDVCTGLNEETISNRLKQQKYKSSTRSSQEVEPCCVCQEEYKEEEEIGRLECGH
DFHSQCIKEWLRQKNLCPICKTTGLNTANKPQR

SEQ ID NO: 268 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGAATCCAATGCAAGGGCCACGCAGTATTGGTGGTTCGTCTACTGAAGTGAATCAAGTAGATGGTGA
ATCGATTTATTGCACAGAGACGTCTTTGAATACCATGTTGAATCCAGCAGACACTGGATTTCCAAACA
ATAGTACACCTTCAGGACGACCAACTTATGCAAGTTCGAGTTCTCATGCTGCTCAAGATCATACCTGG
TGGAGGTTTGGGGAATCCAGCTCCATACCAGGTCCTTCTGATCAGGTCAATTCCATTGGAATAAAGAC
AAGTCACCAGCTGCCTCAAGATGGTACTCACCACTTTGTTGGCTATGGATCTGAGGGAAGGCAAACAG
GTCTGAATGGTATGATGGTAGATGGAGGGGTTCATGCTGGCAGTCACATCAGGAATGTGCCGTCTTTC
TTGCGCGGTTCAAGTTCTAATCCTATGCCACAGCATGTAGATATGAGTATGGACATGGACAGCGATAA
TTGTAATGCACAGACTTCCGGGGTAGTTATCCGTCATAATAGCTATGGGAGTTCATTAGGAAGCTCAG
TTCAGGCCGCTGGGGAGAGCAGCAGTGGTCCTGCTTCTCCATTTGGTGGTTGGGGTTCGTCTTGCAAA
AGAAAGGCTCTTGAAGGATCCCCTAGTCATTATTTTTCTGGTGAAACTCCTAACCGCATTGTTCAGAC
TGAAAATAGTGCTTCGCATGCAAGTCTTTCTCAATATGGTGCTTCAAGTAGCTTAAGTTTGGCTACAC
CTTCACAAAGTTCTCCAAATGTTACTAATCATTTTGGCCGGACAGAACAAATGTTTGGATCTGGTGGT

FIGURA 19 cont.

GGAAGAGCAGTTGCAGCCAGTGCTTTTCATTCTACAAGAAACACTGACACCTTATCTAGAGCTGGCAG
ACGATTAAATCCCAGGCAGCCTCAAGAGTCTGTAGCATTCAGCGTATCACATGGTGGGACTTCTGTAC
GTCCCACTGGTTCTTTGCAACAGAACTTACCATTAAACTCTCCTTTTGTAGATCCTCCAGATGTGAGA
TCATCATCAATTACTAGTGGCTCAAACACTGGTGAGAATCAGACAAATATAGTCCACCTCCCAGCTTT
GACCAGGAATATACACCAATATGCTTGGGATGCTTCTTTCAGTTCTAGAGCCAGTAATCCTTCGGGTA
TTGGGATGCCTGCAGAGCGATTAGGACCACAGTGGGAAACACCGAGAAGCAACCAAGAGCAGCCCTTG
TTTGCACCTGCAACTGACATGAGACAGCCGGTGCATGATCTTTGGAATTTCGCACGTGGAAGCCCTGG
TTCATCTGTAGATTCTCTCTTTGTTCCTCGAGCAGGGCCGAGTTCAGCTATTCATACGCCACAGCCTA
ATCCCACATGGATTCCTCCTCAGAATGCCCCACCACATAATCCATCGAGAACATCAGAACTTTCTCCT
TGGTCTTTATTTCCTAGTATTGAATCTCCATCTGCTAGTCATGGTGGCCCTCTTCCATTATTACCCGC
AGGCCCTTCTGTTTCCTCAAATGAGGTGACAATGCCATCTAGTTCTAATAGCCGAAGCCATCGCTCAC
GGCATAGAAGATCAGGTTTGTTATTGGAGAGACAAAATGAACTTCTCCACTTGCGTCACATAGGGAGG
AGCTTAGCTGCTGACGGTAATGGAAGGAATCAAATCATTTCTGAGATACGTCAGGTGTTGCATGCCAT
GAGAAGAGGAGAAAATCTACGGGTTGAGGATTACATGGTGTTCGATCCACTTATCTACCAGGGTATGA
CTGACATGCATGATAGGCATCGGGAAATGCGGCTTGATGTGGACAACATGTCGTATGAGGAGCTATTG
GCACTTGGGGAACGCATAGGTGATGTGAGCACTGGCCTAAGTGAAGAGGTCATTTTGAAAGCAATGAA
ACAACACAAACATACATCTTCGTCTCCTTCTTCTGTTGAGTTGCATCAGAACATAGAGCCATGCTGCA
TTTGTCAGGAAGAGTATGTAGAAGGTGATAATCTAGGAACCTTGAAATGTGGACATGAATTCCACAAG
GACTGTATCAAGCAATGGGTCATGATCAAGAATCTCTGCCCCATTTGTAAGACCGAAGCATTAAAGAC
GCCGTAG

SEQ ID NO: 269 - proteína - Arabidopsis thaliana

MNPMQGPRSIGGSSTEVNQVDGESIYCTETSLNTMLNPADTGFPNNSTPSGRPTYASSSSHAAQDHTW
WRFGESSSIPGPSDQVNSIGIKTSHQLPQDGTHHFVGYGSEGRQTGLNGMMVDGGVHAGSHIRNVPSF
LRGSSSNPMPQHVDMSMDMDSDNCNAQTSGVVIRHNSYGSSLGSSVQAAGESSSGPASPFGGWGSSCK
RKALEGSPSHYFSGETPNRIVQTENSASHASLSQYGASSSLSLATPSQSSPNVTNHFGRTEQMFGSGG
GRAVAASAFHSTRNTDTLSRAGRRLNFRQPQESVAFSVSHGGTSVRPTGSLQQNLPLNSPFVDPFDVR
SSSITSGSNTGENQTNIVHLPALTRNIHQYAWDASFSSRASNFSGIGMPAERLGPQWETPRSNQEQPL
FAPATDMRQPVHDLWNFARGSPGSSVDSLFVPRAGPSSAIHTPQPNPTWIPPQNAPPHNPSRTSELSP
WSLFPSIESPSASHGGPLPLLPAGPSVSSNEVTMPSSSNSRSHRSRHRRSGLLLERQNELLHLRHIGR
SLAADGNGRNQIISEIRQVLHAMPRGENLRVEDYMVFDPLIYQGMTDMHDRHREMRLDVDNMSYEELL
ALGERIGDVSTGLSEEVILKAMKQHKHTSSSPSSVELHQNIEPCCICQEEYVEGDNLGTLKCGHEFHK
DCIKQWVMIKNLCPICKTEALKTP

SEQ ID NO: 270 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGTCTTCTACAACAATCGGCGAGCACATCAGACTCCGACGAGCTAGAAACCAAACAATCCGTCATCT
CCACGCCGCCGACGATGATCCGCCGCTAAGCCACGTCGTTCTTCCGATTTCACAACCTAATCGCTTCT
GTAACTCCGCAATGTCTTCCTTCTTTCCCCTCCCGACTTCCTCCTCCAACGAAAGCACGAGGAAGAAA
CCGTACCAAACGTCGTCGTTTCGAGGGATGGGTTGCTATGCCGCAGCAGCAGCAGCAGCTCAAGAGGT
TTCTGTTCCCTCCGTCATTCGCTACTCCGCGGATTTGGATGCCAGAATTAGAAAAGATAAGAAGAAGA
AGAAGCATAAGCATAAGAAAAAGAAAAAGAAGAATAAAGGAAGCTACGAAGATGGTTCGATTAGGATT
TTAAGCGAAGAAGCTAGAGACGTTATTGATGTTTGGTGCAGACCTGGATTAGGCTTCTCCACGGATGC
TGTAATTGGTCGATCGGTTGATCCTCCTCGGGGAAGGAATATTCCGTCGTCTCGTCGCAAAATTGATG
TGGATAACAACAATTATAATCACACACTGGGTTCTTCTGTTCTTCCCATTCGGTTTCTCAATCAAGAA

FIGURA 19 cont.

ACTCATTCTCATGATATCTTCAACTCTGATTCTACTTTTGTGACATCATCACGCGCTGAACCAACGAT
GTTGTCAAGTAGATGTCGTGGCCATCTTCCACGCTCTTACCCTGATGATCTTACCGAGATGAGGATGCC
TCCAGAATGGTTTTGTAATGGGAAGAATAACAGATTCCCGTGATAACTACCACGAATTGAGGCTCGAT
GTTGATAGCATGTCATACGAGCAACTTCTTGAGCTTGGTGATAGAATTGGTTATGTGAATACTGGACT
AAAAGAAAGCGAGATACATCGTTGTCTTGGGAAAATCAAACCATCCGTATCACATACTCTTGTTGATA
GAAAATGTAGCATCTGTCAGGATGAGTATGAGAGAGAGGATGAGGTTGGGGAATTGAACTGTGGACAC
AGCTTTCATGTCCATTGCGTGAAACAATGGCTTTCGAGGAAGAATGCTTGTCCGGTCTGTAAGAAGGC
AGCATATGGCAAGCCTTAA

SEQ ID NO: 271 - proteína - Arabidopsis thaliana

MSSTTIGEHIRLRRARNQTIRHLHAADDDPPLSHVVLPISQPNRFCNSAMSSFFPLPTSSSNESTRKK
PYQTSSFRGMGCYAAAAAAAQEVSVPSVIRYSADLDARIRKDKKKKKHKHKKKKKKNKGSYEDGSIRI
LSEEARDVIDVWCRPGLGFSTDAVIGRSVDPPRGRNIPSSRRKIDVDNNNYNHTLGSSVLPIRFLNQE
THSHDIFNSDSTFVTSSRAEPTMLSSRCRGHLPRSYPDDLTEMRMLQNGFVMGRITDSRDNYHELRLD
VDSMSYEQLLELGDRIGYVNTGLKESEIHRCLGKIKPSVSHTLVDEKCSICQDEYEREDEVGELNCGH
SFHVHCVKQWLSRKNACPVCKKAAYGKP

SEQ ID NO: 272 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGATGGATGTGCTGGTAAACGATCTGTTGACCGGTTGGTTGTGCCTCGGAAAGCCAGTGGTCTTAC
CCTGCGTGAGAATATGAACAAGACAGATGGTAAGAATGTTCCTTTCTGCAGCCGAGTTGGTTGTACTG
CAAAGGTAACTTCTACCAAGAGATCTCGGATTGGCTCTACGGATAACAATACAAAAGTTGGTCTGCCT
CCGGTTCCATCTACCTTAAATAGAAAGGAAATTGTTGGGAGCTCATCTCGTACTCCTGGTGGATTTGG
ATACTTGAGAAAGCCAGCCAAAGTTACTGCAAGAAGACAGCCGTCATCTAGTTTAGACACTGAATCTT
CGGAAACGAGTTGTATTCATGATGATCCAGCTGCAACAGAGCCCACACTTCCACGCCAAAAGACTAAA
AGAGTCACAATCAATGTTCATCCTCAAAGCGCTGTCTCTAGAGAAGTTGTAATAACAAAGGCAGGAAG
CTCAAGTAGAGGAACCAGCAGAATTAGTCATCCAAAGTCTGAATTGGGTACCCGCGATGCTCTGACGG
GTCCTTCTGTTTCTACATCTTCTGGTAACAGTGAGCACACTGTAAGAGGCGGTTTGAGTAGGCATAGA
TTGAGGAACTTGAGCTGCAATTCTGTGTCTGATGTTCTTCCAACTAACTCAAACTCAGCAACAAAAAT
CAGTGTGACTAAAAAGAAAAACGCTGATGGAGAGAGCAGCTTATCTAGCAAAGGTAGTAAGACTAGTG
TGTTGGTTCCAAAGGTAAGGAATCAAATTTCTTCTCATGGCAATGGCGTCACAGTTTCTGATAACAGA
AGAAATCGAGTAGTACCAAGTATTAGGGACAGCAGTACTGTTGTTTCAAATGGTTGTAGGAGAGCTGG
TTATTTTGGTAGATCAGAGCGACTTGGAGCTACTGCATCCTCTGCTACTTCTCGACAAATGCCTCATC
CTACAACACCAACCGATCCCAATCCTTCTCTTTCGTTTTGTCCATCAAATATATACAGTAGTACTGGA
CGCGTACATAGCAATATGCCTGGTAGCCCCACGGAAGCTGACCCTTCAAGCTCTTTGGTGAACCGGGA
TGGTTTGAGTCACTACAACATGAATGGAATTGCAGAGGTATTGTTGGCCCTGGAAAGGATTGAACATG
ATGAAGAGCTTACATATGAGCAACTGGCTTCTATAGAGACCAATCTATTCTCAAGTGGTATGTTCAGA
TTCTATGATCAGCATAGAGATATGAGGCTTGACATCGATAACATGTCATATGAGGAGTTACTAGCTTT
GGGGGATAAAATGGGTACAGTGAGCACAGCTCTAAGCGAAGAAGCACTCTCAAGAAGCCTTAAGCAAA
GCATTTATCAGGAGACAGATGAAACCGGTTCCATCTCTCTGTATAAGGATGATGATATCAAGTGCAGT
ATTTGCCAGGAAGAGTATGTTGATGGAGATGAATTAGGGACTATTCCATGTCAACATATGTACCATGT
GAGCTGTGTACAACAATGGCTGCGGATGAAGAATTGGTGCCCAATCTGCAAAACCTCTGCGGAAGAAG
AGAAGTCGATTTAG

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 273 - proteína - Arabidopsis thaliana

MDGCAGKRSVDRLVVPRKASGLTLRENMNKTDGKNVPFCSRVGCTAKVTSTKRSRIGSTDNNTKVGLP
PVPSTLNRKEIVGSSSRTPGGFGYLRKPAKVTARRQPSSSLDTESSETSCIHDDPAATEPTLPRQKTK
RVTINVHPQSAVSREVVITKAGSSSRGTSRISHPKSELGTRDALTGPSVSTSSGNSEHTVRGGLSRHR
LRNLSCNSVSDVLPTNSNSATKISVTKKKNADGESSLSSKGSKTSVLVPKVRNQISSHGNGVTVSDNR
RNRVVPSIRDSSTVVSNGCRRAGYFGRSERLGATASSATSRQMPHPTTPTDPNPSLSFCPSNIYSSTG
RVHSNMPGSPTEADPSSSLVNRDGLSHYNMNGIAEVLLALERIEHDEELTYEQLASIETNLFSSGMFR
FYDQHRDMRLDIDNMSYEELLALGDKMGTVSTALSEEALSRSLKQSIYQETDETGSISLYKDDDIKCS
ICQEEYVDGDELGTIPCQHMYHVSCVQQWLRMKNWCPICKTSAEEEKSI

SEQ ID NO: 274 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCGACAAAGAAATATGATGACTGGTTCAGACATGGAGCAGAATTCTCAAAGCTTTGTTCCCCATCC
TGAACCTCGCATTGGAACTAACTATCTGTATCCAGATATCCCACCAGTGAACACTGTTCCTCATTTAG
AAGCTCATTCTCTGCAAGAACCTTATGATAACAACTCAATGTTCTACGGGCCTCCACAGTACCATCAT
CAACATGCTTCAAATCTTGGTTCTGGCATGTCAACCGCACCAAATTTCTATGTCCCTTATGTGAATTA
TGAAGCTCCACCGAGTTTTCTGTTGTCTCATGGAAGTAATGATGCAGTTGTTGGAGTTACTTCCACTG
AACATGAGAGAAATGCCCATTTTATGGATCACGGATTCAAAAGAAAGAGTTCTGAAGTAATACCTGGA
AATTCTCAGTATCCAGTTGCTCCTTGTTCTTTCCCTCAATTGAATACATCGGAGACAGCACCTTTTTC
ATTCCCACATTTTGGTACTTATCCACAACCACTAGATCAGAGAAGTGTGAGGAACAGAGCAGGAGCAG
CTACAATGGATCCACTTCTCTCTCATGGTCATAACAACTTCAGTCAAGGAAACTATGCAGCTCATCCT
TTTCCACCTCTTGGCTCAATCTGGTATGACCAACACTGTAATGGCAACAGATCTGATGGATCATCTTC
GCTTTGGTCTCAAGCACCTGCCGTACCTTATATGCATGGTAACATTGCTACTGGATCTATAGAATCTG
GTAATGTTTGCTTCCCAAGATACCATGAAACATCTAGTAGCAGAAACCCCACGCCATCTGTATACCAA
AGGAACCACTATATTAGCCATCACCCCGTACCTCCTCCTCCCATCGTATACCCTCACATGCCTTCAGC
CTCATACGCTGAGACTTTGCATCCTGCTTCATACAGTCATATGGGACAGGTTCAATCAACCGGATTCA
GGATAAACCAATATCCCGGAGAAGATTTTGTACCTGCAGCAATTCTAAGACACCGTGAATTGCCTCAC
TTTAGAGCAATGCCCGCGAATGAAAATGCATTTTGGGAAGTAGGAGACTTCTACAATGCTGTTAATTA
TGTCGATCATCATCAAGACATGCGCTTAGACATAGAAGATATGTCATATGAGGAGCTTCTTGCTTTGA
GCGACCAGATTGGAACTGTGAAGACAGGCTTGTCATCAGAAGATGTTAAAGAACTTCTGAAAAGAAGA
ACCTCGACCAGAATTAACCTGGAAGAAGGTCCATCTACTGATCTAGAGACTGATTCTTGCACGATATG
CCAGGAAAACTACAAGAACGAAGATAAGATCGCAACGCTGGATTGCATGCACAAATACCATGCAGAAT
GCTTGAAGAAGTGGTTGGTTATCAAGAACGTTTGCCCAATCTGTAAATCAGAGGCATTGGTCATAGAG
AAGAAGAAGAAGCTAAGGTTAAGTAGTAGATGA

SEQ ID NO: 275 - proteína - Arabidopsis thaliana

MRQRNMMTGSDMEQNSQSFVPHPEPRIGTNYLYPDIPPVNTVPHLEAHSLQEPYDNNSMFYGPPQYHH
QHASNLGSGMSTAPNFYVPYVNYEAPPSFLLSHGSNDAVVGVTSTEHERNAHFMDHGFKRKSSEVIPG
NSQYPVAPCSFPQLNTSETAPFSFPHFGTYPQPLDQRSVRNRAGAATMDPLLSHGHNNFSQGNYAAHP
FPPLGSIWYDQHCNGNRSDGSSSLWSQAPAVPYMHGNIATGSIESGNVCFPRYHETSSSRNPTPSVYQ
RNHYISHHPVPPPPIVYPHMPSASYAETLHPASYSHMGQVQSTGFRINQYPGEDFVPAAILRHRELPH
FRAMPANENAFWEVGDFYNAVNYVDHNQDMRLDIEDMSYEELLALSDQIGTVKTGLSSEDVKELLKRR
TSTRINLEEGPSTDLETDSCTICQENYKNEDKIATLDCMHKYHAECLKKWLVIKNVCPICKSEALVIE
KKKKLRLSSR

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 276 - DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCCAGTTTCTGCAGAGCCTTCTTCATCTTCTTCAACAACAATCGGTCAACACATGAGACTCCAACG
ACCTAGGAATCATCGAAATCTCCCACCCATTTCCACCGCCGACGAACCTCTAATCCCCAAACCTAGCC
GCGTCTCTAAATCCGCCATGTCTTCCTTCTTCCTCTTGCCAGAAACTACTAAGAAGAAACCCAACGGA
ACGGCGTCGTTTCGTGGTCTAGGCTGCACAACCTCCGCATCTCAGCAAGTTTCAGTCCCGGCAGTGAT
TCGCTCCTCCGCGGATTGGGATGCTAGTAATTTCAAAATTAAGAAGACGAAGAAGAAGAACAAGAACA
AGGGTAGTAGTAGCTACAATGGTGGTTCGATTAAGATCTTGAGCGAAGCTAGTACTAGTAGTAGCGTC
GCTTGCGCAGCGATTCCTGATGTTTGGTGTGGTCCTGGAGTTGGGTTTTCAACGGATGCTGTCGTCGG
AGGCTCCATTGACACAGTTGTTTCAGATCCTCCGAGAAGGAATATTCCGGTGAGACGCAAAATCGATG
GAGATAAAACCAATAGTAACAGTAATAATCATAGAGAGGGTTCTTCTTCTCTTCTTCCTAGACGATCT
CTCAATCAAGAGTCTAATCCTTATTTTGATTCTGATTCGAGTTTTTTGACATCGCGGGCTGAGCAGAC
TGATAGATATCATCGTCATCTAAGACTGCCTTACCCTGATGGACTCGCTGAGATGATGATGATGCAGA
ATGGTTTTGTGATGGGAGGAGTATTAAGCTCATTCGATCAATTCCGTGACATGAGGCTCAATGTCGAT
AACATGACATACGAGCAACTTTTGGAGCTTGGTGAAAGAATTGGGCATGTGAACACTGGACTTACTGA
AAAACAGATCAAAAGTTGTCTTCGGAAAGTCAAACCATGCCGGCAAGATACAACAGTTGCTGATAGAA
AGTGCATCATCTGTCAAGACGAGTATGAGGCGAAGGACGAGGTAGGGGAATTACGATGTGGGCACAGG
TTCCATATCGACTGTGTGAATCAATGGCTTGTGAGGAAGAACTCTTGTCCGGTCTGTAAAACGATGGC
GTACAATAAGTCTTAG

SEQ ID NO: 277 - proteína - Arabidopsis thaliana

MPVSAEPSSSSSTTIGQHMRLQRPRNHRNLPPISTADEPLIPKPSRVSKSAMSSFFLLPETTKKKPNG
TASFRGLGCTTSASQQVSVPAVIRSSADWDASNFKIKKTKKKNKNKGSSSYNGGSIKILSEASTSSSV
ACAAIPDVWCGPGVGFSTDAVVGGSIDTVVSDPPRRNIFVRRKIDGDKTNGNSNNHREGSSSLLPRRS
LNQESNPYFDSDSSFLTSRAEQTDRYHRHLRLPYPDGLAEMMMMQNGFVMGGVLSSFDQFRDMRLNVD
NMTYEQLLELGERIGHVNTGLTEKQIKSCLRKVKPCRQDTTVADRKCIICQDEYEAKDEVGELRCGHR
FHIDCVNQWLVRKNSCPVCKTMAYNKS

SEQ ID NO: 278 - DNA - Populus trichocarpa

TGTTGCAGATTTAAGGGAGTTATACCATTCATGGATGACTATTCTGGTAAGAGAGCTGGTGATCGGTT
CATTGTCTCCAGAAAGGGATCTCCCCATGTTTTGAGAGATACTGCTAACAATAGAGATCAAAAAGCTC
AGTTTTGCAACCGAATTGGATGCAGTGGCAGACTGAACTCTAGTAAAGGTACTCAAATAAGTTCAGAA
AAAGCCAAATCTTCAAGGCCAAGGCCATTAATTTCATCTTCCTCGAGTGGCAAGGAAAAAAATGGAAG
CTCGTCTAATAAGGCTTTCTCTGCCATCAGCAAACCTAGAAATTCCTTGCAGGAACCTCGTAAAAAGT
TTTCTTCTCAGCTAGAATCAGAATCCTTAGAAACTGGGAGTGGTCAGGATGAAGTTACACCACCTTCT
GGAAGGATTAAGTTAGACCTTCGCCCTGAAACCGATGGAGCTGCTTCTAGTGATATTACCTCAATGGA
AGCTGGAAGCTCCGGTATATCAAAAAGTACAAGATCTCATTGGAATTTTCATCAGAAATCAGGATTGG
TAAACCCCGAGACTGTAGTGGGGTCACCTGTTTCTTTGGCATCCAAAAGCACCATTCAGGGAACTCGA
CTGAATGCCAGCAGGTTTGGTCACAGAAATCTTAGATGCAATACAGTATCTGATTCTTCCTCTTCAGG
TTCTTCATCATCAGATTTAAATCTAAGTAGACGGAAAGACACATTCAACAAGAGAATTTGTGATGGAG
AAAGTAGTTCCTTTGCCAGGGGGAAAAGGATGATTGGGTCTTCATTAGAAGGGCGGAGTTCTAGTTCA
AATTCCGGTATCTCCATTTCTGATTCAAGGCGAGCTAGAACTGGAACTTTGAATAGGGATAGCAGTGC
TGCATCAATTGGGTCTCGAAGACCACTCAGTGGCTACACGAGGGCAAGGGTCGCTAACCAAGGAAGTG
GAAACAATTTATCAGCAAATGAGATCCCACTAACATCTCAACCTGATATGTCCCTGGATTTGAATGCT
CCGAGTTCATCACACCACTTCTCAGTGGAAGCCTCTTTAGGCCGCCCAAGTTCTTATAGTCGACCTGG

FIGURA 19 cont.

CAGTAGCAATGGGAGTTTACGGGGTATTAGGCCATCCAGTCCAGAAGTTAGCAATGCCCAATCTTTGA
TGAATCGTGAGAGCTTCCAGCGCTACAATATGGTTGGGATTGCTGAGGTATTATTGGCACTCCAGAGG
ATTGAACAAGATGAAGAACTAACATACGAGCAATTGCTTGTTTTGGAGACCAGTTTGGTCCTTAATGG
ACTAAACTTCCATGATCAACATAGAGACATGAGACTGGATATCGACAATATGTCATATGAGGAACTAT
TAGCTCTTGAAGAGAGAATGGGTACTGTGAGCACAGCACTAACAGAGGAAGCCTTGTCAGAATGCCTC
AAGACTAGCATTTATCATTCCACTCCTATGGAGGATGCGACTGCAAACCTTGAAGGTGATAAGGATGA
CATCAAGTGCAGCATCTGTCAGGAAGAGTATGTTGTTGGAGATGAAGTGGGAAGGTTACAATGTGAGC
ATGGATATCACATGTCCTGCATACATCAATGGCTAAGTCTGAAAAATTGGTGCCCTATTTGCAAGGCA
TCAGTGGCTCCGTCGCCACCATCCTCGTAAACAATTAATAAACTGGATGCAGGCGACTGGCTTTTTCA
TTTTGTACAAAATAAGTCTGTCACCTTCATCTTTTTTTCTTT

SEQ ID NO: 279 - proteina - Populus trichocarpa
MDDYSGKRAGDRFIVSRKGSPHVLRDTANNRDQKAQFCNRIGCSGRLNSSKGTQISSEKAKSSRFRPL
ISSSSSGKEKNGSSSNKAFSAISKPRNSLQEPRKKFSSQLESESLETGSGQDEVTPPSGRIKLDLRPE
TDGAASSDITSMEAGSSGISKSTRSHWNFHQKSGLVNPETVVGSPVSLASKSTIQGTRLNASRFGHRN
LRCNTVSDSSSSGSSSSDLNLSRRKDTFNKRICDGESSSFARGKRMIGSSLEGRSSSSSNSGISISDSR
RARTGTLNRDSSAASIGSRRPLSGYTRARVANQGSGNNLSANEIPLTSQPDMSLDLNAPSSSHHFSVE
ASLGRPSSYSRPGSSNGSLRGIRPSSPEVSNAQSLMNRESFQRYNMVGIAEVLLALQRIEQDEELTYE
QLLVLETSLVLNGLNFHDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERMGTVSTALTEEALSECLKTSIYHSTPM
EDATANLEGDKDDIKCSICQEEYVVGDEVGRLQCEHGYHMSCIHQWLSLKNWCPICKASVAPSPPSS

SEQ ID NO: 280 - DNA - Populus trichocarpa
TAACTTCCGCTTCTGCTTGTGCAGGATGTTATGATTCTTGACCAATCAGTTTTGTTTGGAGCAGCTGA
CATGTATGATAGGCATAGGGATATGCGGCTTGATGTTGATAACATGTCTTATGAGGAGTTGCTGGCTT
TGGAAGAGCGCATTGGAAATGTCAGTACTGGATTGAGCGAAGAAACTATAGTAAACAACTTAAAACAG
CAGAAATACTCTGTTGCTGTTGGAGCGAAGGTGGAGGCTGAACCATGCTGCATTTGCCAGGAGGAATA
CAATGATGGAGAAGATCTTGGAACACTGGACTGCGGACATGATTTCCACGCGGGGTGTGTTAAGCAGT
GGCTGATGCACAAGAATTGGTGCCCCATCTGCAAAACAACAGGACTTGCTACATGAGAAAGGGTAAAG
ATGTTCAGGCCATTACACACGGTTGGTACACGGTTGTACGAGGAAAACGTGAGAGGCGTGGCCCTAGA

SEQ ID NO: 281 - proteina - Populus trichocarpa
MILDQSVLFGAADMYDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLSEETIVNNLKQQKYSVAVGAK
VEAEPCCICQEEYNDGEDLGTLDCGHDFHAGCVKQWLMHKNWCPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 282 - DNA - Populus trichocarpa
GTTATGAGTCAGCAAACACCTTTCAGTAACATGCTAAATCCAGTGGATAGCAGATTGTCAAATAATGC
TGTATCTTCGGGCAACGCATCGTGCTCAAATGCTTTAACTCACGATGTCCAGAGCTTTAGTGGTTGGA
ATTCAGGCGAATCTAGCTCAAGGTTAAGTCTGCAAAATCAGGTGAATGATGATGGGATAAAAATGGAA
GAATGGTTGTCTACTTCAGTCAATGCTTATCCTGCAGTTGGTCAAAGATCAGAGGAAAGGCTATTTGA
AACAACTAATATCCTTTTCCCAGGCAGAGTCAGTACGGGGATTAGTGGCAATCAGGTTAGAAGTGGAC
CTTTATTCTTGCAGGGCTCCAGCTCGAATCATATCGCACCCAATGTATGTCCAAATTCTGGTCATATT
GGAGACACCACTATTGGCAGACCCATTACAGGAGCTGTCTTAGGCCTTAATCAACTCAACCCTGGTGG
TGGATTAGAAATAGAACGGGCATCTTCTTCTGGTGTTTCTTCTTCTGATGTTGGCACTTCATCTGGAA

FIGURA 19 cont.

GTTCTGGTTATATAGTAGAGGAGACAAATGGTGGTTCAGGATCTTCTATTGGGGTTTGGGGCTTATCC
TGCAAGAGAAAGGCCCTTGAAGGTACTACTGGACAGTCTTTTCCTGGTGGAAGTTCAAGTTGCTTTCC
ACAAGCTGAAAGTAGTGCATGGCATAATGGACCCAATAATCACAGTGTTTCTAGCAGCCTAAGTTTAT
CCACTCCCTCACCGAATACTCCAAGTGTTGCTCCTCCTGAACAGTTGAACCCAAGATTTGGTTATGGA
ATGAGAGGAGCACCTCCTGATGCATTTCCTTCATCAAATGTTAGTGGAAATGCAGACTCTCTGAGAAA
TTTTGGTAGGAGGATAAGTCCTGGACATCAACAGGAATCTGTCACTTTCAATTTGTCAACAACAGGAG
GTTCCAGGCGTTGGTCCTTGCAGCATTCTCGCAGACCTGTCTCAGTTAGTGACTATCTGGAGTCAAGA
TCAACAGAACCTGCAAATTCAAGTGCCATCCAAGGCCAGCTTCATGCTATCAACCCTTCTTCTTTATC
AAGCAGTTTGCCTTGTTGGGATGATTTTTCAAGTTCAAGAGTTGGAAATTCATTGAGTTCCCTTATAC
CTGGAGAGCTAGGTGCTGCATCAAGAGAGGAAGCAAACTTAAGAAGCTTTCAGACAAATAATGCAGAC
CATCCAATGTTTGCACCTGCAACTGAAATGAGAAGAATGGGACAAGATCCAACACGCTGGGGTTTGGC
CACTGGGAACATGAGTGCCTCGGGTAGTGTTTCTTCTACCAGAATTGGTTCTTCTACCAGAATGGGCC
CCAGTTCAAGTGTCCATCCTTTTCCTACTCCCGGATGGATTCATCACAACCCCACAACACATAATCAG
CAAAGAATTTCTGAATTTTCTACTTGGTCTCTGTTCCCACCTATGGCCTCTGAATCTGGAGGTCACAG
TTGCCATTTCTCCCCTTTGTCTTCTGGTCCTTCCTCTGCACAGGACACACAGATTTCTTCTGGATCTA
GTAGCCAGGGACATAATCCACCACCATTTCCAAGGTCAGCATTTCTCACGGAAGAACAAAGTGATGAT
GTTCTTGGAATGCCCCGTTCCTTGAGGGCTTTAGCTGCTGATATTGAAGGGAGACATCGGCTCATATC
TGAGATTCGTCAAGTATTGAATGCCATGCGCAGGGGTGAAAATCTTCGTGTTGAGGACTACATGCTTT
TTGACCCGATGATCTATCATGGGATGGCTGAAATGCATGATCGGCATAGAGATATGCGCCTTGATGTT
GATAATATGTCTTATGAGGAATTGTTGGCATTGGAAGAACGCATAGGAGATGTGAGCACTGGACTAAG
TGAGGAAACCATTTTGAAGTTACTGAAACAGGAAAAACATGTGCCGATCAGCACAGAATCTCCAGCAG
ATTTGGAGCCTTGCTGTATCTGTCAGGAGGAATATGTGGATGGGGATGATATGGGAATAATCGACTGT
GGGCATGACTTTCATACCAACTGCATCAAACAGTGGCTAATGCAGAAAAATCTATGTCCAATTTGTAA
GATGACGGCCCTGCTCACTTGAGAGGGAAGATAATGCCAGTTCCTGGAAATTTTATTTTCTTAAAAAC
AAATCAACATCCAAATACTGGGTGGATGATATCC

SEQ ID NO: 283 - proteína - Populus trichocarpa

MSQQTPFSNMLNPVDSRLSNNAVSSGNASCSNALTHDVQSFSGWNSGESSSRLSLQNQVNDDGIKMEE
WLSTSVNAYPAVGQRSEERLFETTNILFPGRVSTGISGNQVRSGPLFLQGSSSNHIAPNVCPNSGHIG
DTTIGRFITGAVLGLNQLNPGGGLEIERASSSGVSSSDVGTSSGSSGYIVEETNGGSGSSIGVWGLSC
KRKALEGTTGQSFPGGSSSCFPQAESSAWHNGPNNHSVSSSLSLSTPSPNTPSVAPPEQLNPRFGYGM
RGAPPDAFPSSNVSGNADSLRNFGRRISPGHQQESVTFNLSTTGGSRRWSLQHSRRPVSVSDYLESRS
TEPANSSAIQGQLHAINPSSLSSSLPCWDDFSSSRVGNSLSSLIPGELGAASREEANLRSFQTNNADH
PMFAPATEMRRMGQDPTRWGLATGNMSASGSVSSTRIGSSTRMGPSSSVHPFPTPGWIHHNPTTHNQQ
RISEFSTWSLFFPMASESGGHSCHFSPLSSGPSSAQDTQISSGSSSQGHNPPPFFRSAFLTEEQSDDV
LGMPRSLRALAADIEGRHRLISEIRQVLNAMRRGENLRVEDYMLFDPMIYHGMAEMHDRHRDMRLDVD
NMSYEELLALEERIGDVSTGLSEETILKLLKQEKHVPISTESPADLEPCCICQEEYVDGDDMGIIDCG
HDFHTNCIKQWLMQKNLCPICKMTALLT

SEQ ID NO: 284 - DNA - Populus trichocarpa

CTCTCCCTCTCATTGACAAAGCACAAAGATATGCCGGTTTTTGCAGAGAGCAGCAACACAACTATAGC
TGACCAAATCAAGCTAAGAAAACACAGAGAGCTGCAACCCATTGCAACTGAAACAGATCCAAACCCAC
ATATCTCTAGGACCTCCAAATCCAATACAATAATCTCCTCCCTCTTCCACTCTCACTTCACTGCAACC
CCACCTGACCAAACAAAGAAGAAAGGTGCAACCTTTAGAGGCCTAGGATGCACTGCTGGAGCAGCACA

FIGURA 19 cont.

GCAGGTGTCGGTGCCGGCGGTGATAAGGTCATCGGCTGGCTGGGAAGGGAAAAGGGTCAAGAAGAAAA
AGGGTCATCAGAAAAGAAAGAAAGAAAGCTTGAAACTTTCCAGTGACAACAACAACAATAGTAATAAT
AGCAATGGTGATGGTGATCTTAGTGGAGATGGTAATCTTGGGAATTGCATGGTTATGCAAGATGTTTG
GTGTGGACCTGGAATTGGGTTTTCAGGTGCTGATGCTGTTGTTGGGTCAGTTGACTGTGTTGTCGTTA
GAAGGAACGCGTCATCCGGAAGAGGGAAGATTGATGAAGGAGAGAAATTTAATCAAAGGGAAAGAGAG
AGGGGGAGAGAGAGAGAGCGTCCTTGTTTATCTAGGCGGGCTGCAGTGAATCCTGAAACCCCCTCGTT
TCTGGATACTGATCCTGCTTTTGTAACATCTCGTCCTGAAATAGAAGTTTTTGGAACTCGGTATTATC
GCCATATCCGACATCCTTCCCCAGATGGACTTGCTAGGATGATGATGCTCCAGAATAGTTTTATCATG
GGAGGAAGATTGGATCGATTTAGCAACTGGAGACTTGATATTGATCACATGACATATGAGCAACTGCT
CGATTTAGGTGATAGAATTGGTTATGTGAATACTGGATTGAAAGAAGATGAGATCAGCAGCTGTGTCA
AGAAAATTAATCCCTCAATCATCGAAGAACTGCCATCACATTTACACATGACATTGGAAAAGAAGTGC
AGCATTTGTCAGGATGAGTTCGAAGAAGCTGATGAGTTAGGCAAACTAGATTGTGGACATGGTTTTCA
CATACAATGTATAAAGAAATGGCTTGCACAGAAAAATACATGCCCGGTCTGTAAAACTGAACCGGTGG
CTCGAGCCTAATATCTTCAAACTGCTGCTATTTACCTGTTGGTGTGTATAGATTTCATTTCCTATACG
TATTCAAGCATCCATTCTTTAGC

SEQ ID NO: 285 - proteína - Populus trichocarpa

MSQQTPFSNMLNPVDSRLSNNAVSSGNASCSNALTHDVQSFSGWNSGESSSRLSLQNQVNDDGIKMEE
WLSTSVNAYPAVGQRSEERLFETTNILFPGRVSTGISGNQVRSGPLFLQGSSSNHIAPNVCPNSGHIG
DTTIGRPITGAVLGLNQLNPGGGLEIERASSSGVSSSDVGTSSGSSGYIVEETNGGSGSSIGVWGLSC
KRKALEGTTGQSFPGGSSSCFFQAESSAWHNGPNNHSVSSSLSLSTPSPNTPSVAPFEQLNPRFGYGM
RGAPPDAFPSSNVSGNADSLRNFGRRISPGHQQESVTFNLSTTGGSRRWSLQHSRRPVSVSDYLESRS
TEPANSSAIQGQLHAINPSSLSSSLPCWDDFSSSRVGNSLSSLIPGELGAASREEANLRSFQTNNADH
PMFAPATEMRRMGQDPTRWGLATGNMSASGSVSSTRIGSSTRMGPSSSVHPFFTPGWIHHNPTTHNQQ
RISEPSTWSLFPPMASESGGHSCHFSPLSSGPSSAQDTQISSGSSSQGHNPPPFPRSAFLTEEQSDDV
LGMPRSLRALAADIEGRHRLISEIRQVLNAMRRGENLRVEDYMLFDPMIYHGMAEMHDRHRDMRLDVD
NMSYEELLALEERIGDVSTGLSEETILKLLKQEKHVPISTESPADLEPCCICQEEYVDGDDMGIIDCG
HDFHTNCIKQWLMQKNLCPICKMTALLT

SEQ ID NO: 286 - DNA - Populus trichocarpa

CATTATATTAGGGGGAACACATTGTGCCTGATGCATAGGCAAAGGGGTGCATTTCATACCTTTTCTGA
AACTATTGACATTGATCAGGGATCTGTTTCAGACAATATCGGTACAAGTCAGCAAACTTCTTTTGGTA
ACATGCTAAATCCAGTAGATAGCAGATTGTCAAATAATGCTGTATCTTCTGGCGATGTATCATGTTCA
AATGCTATGACTCATGATATTCAGAACTTCAGTGGCTGGAATTCAGGTGAATCTAGCTCAAGTTTAAG
TTTGCAAAATCAGCTGAATGATGATGAGATAAAAACGGAAGAAAGGTGGTCTTCTTCAGTCAATGCTT
ACCCTGCAGTTGGTCAAAGATCAGATGAAAGGCTATTTGAAACAACTGATATCCTTTTTCCAGGTAGA
GGCAATATGGGGATCAGTGGCAATCAGGTTAGGAGTGGACCTCTATTCTTGCAGGGCTCCAGCTCTAA
TCATATCCCACCAAATGAAAGTCCAAATGCTGGTCATATTGGAGACACCATTAATGGCAGGCCTATTA
CAGGAGCTGTCTTAGGCCTTAATCGTCTCAACCCTGGTGGATTAGAAATAGAGTTGGCATCATCTTCT
GGTGTTTCTTCTGATGATGTTGGCACTTCATCTGGAAGTTCTGGTTGTATAGTAGAGGAGACAAATGG
CGGTCCAGGATCTTCTCTGGGGGGTTGGGGCTTATCCTGCAAGAGAAAGGCCCTTGAAGGTACTTCTG
GACAGTCTTTTCCTGGTGCAAGCTCAAGTTGCTTTCCACAAGCTGAAAACAGTGCATGGCATAATGGC
CCCAATAATCATAGTGTTTCTAGCAGCTTAAGTTTATCCACTCCCACTTGGAATGCTCCTAGTGTTAC
TCCTCCTGAACAGTTGAACCCAAGATTTGGTTATGGAATGAGAGCAGCACCTTCTGATGCGTTTCCTT

FIGURA 19 cont.

CATCAAATGTTAGTGGAAATGCGGACACTCTGAGAAATTTTGATAGGAGGACAAGTCCAGGACTTCAA
CAGGAATCTGCCGCTTTCAATGTATCAACAACAGGAGGTTCCAGGCGATGGTCCTTGCAGCACCCTCC
CAGACCTGTCTCAGTTAGTGACTATCTGGAGTCAAGATCACCAGAACCTGCAAATTCAAATGCTACTC
AGGGCCAACTTCATGCCATAAACCCATCTGCTTTATCTAGAAGCATGCTTCGGTGGAATGATTTTTCA
AGTTCGAGAGTTGGAAATTCACCAAGTTCCCTCATCCCTGGAGAGCTAGGTGCTGCATTAAGAGAAGA
AACAAACTCAAGAAGATTTCAGAGAAATAATGCAGAGCATCCAATGTTTGCACCTGCAACTGAAATGA
GAAGCATGATACAAGATCCAACATGCTGGGGTTTGGCCACTGGGAACATGAGCACCTCAGGTAGTGTT
TCTTCTACCAGAATTGGCCCCAGTTCAAGTGTCCGTCCGTTTCCCACTCCTCGATGGATTCATCGCAA
TCCTACAACACATAATCAGCAAAGATTCTCAGAATTTTCTACTTGGTCTCTTTTCCCACCAATGGACT
CAGAACCTGGAGGTCATAGTGGTCATTTCTCCCCATTGTCTTCTGGTCCTTCTTCTTCTGCACAGGAC
ACAGTGATTTCTTCCGGATCTAATAGCCAGGGACATAATCCACCATTTCCAAGGTCAGCACTTCTCAT
GGAAGAACAAAGTGATGACATTCTTGGTATGCCCCGTTCATTGAGGGTTTTAGCTGCTGATATTGAAG
GGAGACATCGGCTAATATCTGAGATTCGTCAAGTGTTGAATGCCATGCGCAGGGGTGAAAACCTTCGA
GTTGAGGATTATATGCTTTTTGACCCGTTGATCTATCATGGGATGGCTGAAATGCATGATCAGCATAG
GGATATGCGCCTCGATGTTGATAACATGTCCTATGAGGAATTGTTGGCATTGGAAGAACGCATAGGAG
ACGTGAGCACTGGACTAAGTGGGGAAACCATTTTGAAGTTAATGAAGAAGCAAAAGCATGTGCCTGTT
AGCACAGAATCTCCAGCAGATTTGGAGCCTTGCTGTATCTGTCAGGAAGAATATGTGGATGGGGATGA
TATGGGAATAATCGATTGTGGACATGACTTTCATGCCAACTGCATCAAACAGTGGCTAATGCAGAAAA
ACCTTTGTCCCATTTGTAAGATGACAGCCCTAATCACTTGAGAGGGAAGATATTGTCAGGTCCTGGGA
ATTTTATTTTCTTAAAAACGGACAATCATATCCAAAACCTGGGTAGATGGTAT

SEQ ID NO: 287 - proteína - Populus trichocarpa

MHRQRGAFHTFSETIDIDQGSVSDNIGTSQQTSFGNMLNPVDSRLSNNAVSSGDVSCSNAMTHDIQNF
SGWNSGESSSSLSLQNQLNDDEIKTEERWSSSVNAYPAVGQRSDERLFETTDILFPGRGNMGISGNQV
RSGPLFLQGSSSNHIPFNESPNAGHIGDTINGRPITGAVLGLNRLNPGGLEIELASSSGVSSDDVGTS
SGSSGCIVEETNGGPGSSLGGWGLSCKPKALEGTSGQSFPGASSSCFPQAENSAWHNGPNNHSVSSSL
SLSTPTWNAPSVTPPEQLNPRFGYGMRAAPSDAFPSSNVSGNADTLRNFDRRTSPGLQQESAAFNVST
TGGSRRWSLQHPPRPVSVSDYLESRSPEPANSNATQGQLHAINPSALSRSMLRWNDFSSSRVGNSPSS
LIFGELGAALREETNSRRFQRNNAEHPMFAPATEMRSMIQDPTCWGLATGNMSTSGSVSSTRIGPSSS
VRPFPTPRWIHRNPTTHNQQRFSEFSTWSLFPPMDSEPGGHSGHFSPLSSGPSSSAQDTVISSGSNSQ
GHNPPFPRSALLMEEQSDDILGMPRSLRVLAADIEGRHRLISEIRQVLNAMRRGENLRVEDYMLFDPL
IYHGMAEMHDQHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSGETILKLMKKQKHVPVSTESPADLEP
CCICQEEYVDGDDMGIIDCGHDFHANCIKQWLMQKNLCPICKMTALIT

SEQ ID NO: 288 - DNA - Populus trichocarpa

CCTCTCTCTGATAAACAAAGCACAAAGATCATGCCAGTTTTTGCAGAGAGCAGTAGCAGCACACCAGC
AGCTATAGCAGACCAAATCAAGCTAAGAAAACCCAGAAGCCAACAAGAGCTGCAACCCATTTCAACTG
AAACAGATCCAAACCCACATGCTTCCAAGTCATCCAAATCCAACACAATTATCTCCTCCCTCTTCCAC
TCTCACTTCTCTACAACCCCACCTGACCAATCCAAGAAGAAAGGTGCCACCTTTAGAGGCCTAGGATG
CACTGCTGGAGCAGCTCAGCAAGTATCGGTGCCGGCGGTGATAAGGTCATCCGCGGACTGGGAAGGGA
AAAAGGTCAAGAAGAAAAAGGGCCATCCAAAAAGAAAGAAAGAGAGCTTGAAACTTTGCAGTGACAAC
AACAATACTAGTAATAGCAATGGTGATGTTAATGGAGATGGTAATTTTGCGAATTGTATGGTTATGCA
AGATGTTTGGTGCGGACCTGGAATGGGGTTATCTGGTGCTGATGCTGTTGTTGGGTCAGTTGACTGTG
TTGTGGCTAGAAGAAACGTGTCAATTGGTAGAGGAAAGATTGACGGAGGAGAGAAAATTAATCAAAGG

FIGURA 19 cont.

GAAAGAGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGATAGAGAGAGGGAGAGGGAGCGTCCTTGTATAGTTAG
GCGGGCAGCAGTTAATCCTGAAACTCTTTCATTTCTGGATACTGATCCTGCCTTTATAACATCTCGTC
CTGAGCCAGAAGTTTTTGGAACTCGGTATTATCGCCATATTCGACATCCTTCCCCAGATGGACTTGCT
GAGATAATGATGCTCCAAAATAGTTTCATCATGGGAGGAAGAATGGATCGATTTAGCAACTGGAGACT
AGATATTGATCACATGACATACGAGCAACTGCTCGATTTAGGTGATAGAATTGGTTATGTGAATACTG
GATTGAAAGAAGATGAGATCAGCCGCTGTGTTAAGAAAATTAATCCCTCATTCATCAAGGAACTGTCA
TCACATTTACCCATGGTATTGGAAAAGAAGTGCAGCATTTGTCAGGATGACTACGAAGAAGATGGTGA
GGTGGGAAAACTTGATTGTGGACATGGCTTTCACATACAATGCATAAAGCAATGGCTTGGACAGAAAA
ATACCTGCCCAGTATGTAAGACAGAACCGGTGGGTCGAGGCTAGTATCTTCAAACTGCTGCCATTTAC
CCGTTGGTGTGTATAGATTTCATTTCCTATACGTAATCAAGCATTCATTCTTTGGC

SEQ ID NO: 289 - proteína - Populus trichocarpa

MPVFAESSSSTPAAIADQIKLRKPRSQQELQPISTETDPNPHASKSSKSNTTISSLFHSHFSTTPPDQ
SKKKGATFRGLGCTAGAAQQVSVPAVTRGSADWEGKKVKKKKGHFKRKKESLKLCSDNNNTSNSNGDV
NGDGNFANCMVMQDVWCGPGMGLSGADAVVGSVDCVVARRNVSIGRGKIDGGEKINQRERERERERER
DRERERERPCIVRRAAVNPETLSFLDTDPAFITSRPEPEVFGTRYYRHIRHPSPDGLAEIMMLQNSFI
MGGRMDRFSNWRLDIDHMTYEQLLDLGDRIGYVNTGLKEDEISRCVKKINPSFIKELSSHLPMVLEKK
CSICQDDYEEDGEVGKLDCGHGFHIQCIKQWLGQKNTCPVCKTEPVGEG

SEQ ID NO: 290 - DNA - Populus trichocarpa

AGCTTAAATTATCTTCTGCTGTAAGGGGTCATGGGACATAGACAAATGTTCAACCCTTCTCAATTCTT
CGAGATGGAGCAGGATTGGAGCCATGGCCACCCAGCTGCTGGACAGTCCTATGTTCATATGGGAAGGG
CTGTTTCTCAAGAAAATGGTTCCTTTTCTCATCCTATCAATCCTCCTTCAATAGATGGACCCAGCTGT
GCCTCTCGGCGGAACCTGGAAAACAGAGCTCTTGAGCATTCCTCTACATATTTCAGGTCAGAAGGTCC
GCAAGTTCACGCTCCCCTTTCTGCCCCCCGACATGATGTATTCCCACACTGTCCAGCTGGTGGAAGCT
TTTACCCTCCTCCAGAGCTCGAAGCTACCCATGTTCATTCTAATCACCACAACAGGCATGGTATCCAT
GAAGGTGAGGGTGGTCTCCTTGATCATACAATGAGTGCTGGAAGAGGGCCATTCAAAAGAAAAAGCCC
TGGTGTTCCTACCTCGTGGGAAAGAGGTGGCACCAGCAGTATGTACAGTGCAGGAAGTTCCTCCAATT
CTTTTGAACTTCACCATGAGAAACCAACTTCAGATTATAGAAATTACTTTTCAGAATCCTCTGGTTTA
CCTCCCTATATGGGTAGCAGCCTGTCAATTGGGGGTGAAGATCCTCCAAGGAATGTGAGAAGCAGATC
TAGACTTGATTTGGAGCCCAACCCAAGGAGAACCCATTCATCAAGTTACACGTCCCATCCTTTTTCTT
CAACATCTCATCTCCGAAACCATCCAGGGCCAGTGGATGTTGCTAACTTAAATGCTGACAGAACTGCT
TATGAGCAGAACCAAATTGGTGTTCCACCTCCTGCACATGGGAGGTTTCATACTTCAGAAAATAATTC
CTTGAGCCATGAGATGAATCAGCATTATGCTGGAGGGAATCCTACTGATATTCGTCGGTACAACCATG
ATTCCATCTTAAGCAGAAATCCCATTGCACCACCACGACATCTTCATGGTTTTCATGCCCAGGCTTCA
AGGGAGGGTCAGAACAGTTATTCTCGAAGAGCTATACCTACACGTCGGGCTGATATAAACTCCTCTCA
TCTCAGACAAGAAGCTGCTGCTGTCGAAAATGGTCAGCATTTTCTATCAGAAACCCATAGTTCCAGAT
ATTCAAGACCACTTTTGTCTGGAGGTTGGCACAGCAATCATAGAGAAGGAAGGTCAAGGATATCAATT
GAGAGATTCCAGTCTCTTTCAAATGTGGTGGATGTGCGTGATAGAATGGGATCTGAGGCTCTTATGAT
GTTAGATCACTCATATTTATATGGCTCCAGAAATTTCCTTGATCAATACAGGGACATGAGACTGGATG
TTGACAGCATGAGTTATGAGGAACTACTTGCTCTAGGAGAAAGGATAGGGATTGTCAACACAGGATTG
CCTGAAGATGTGTTTTCAAAGTGCTTGGTGGAGACAAGATGCCATTCTTCAGACAAAGCCCAGGAAGA
AACATCCTGTGCCATATGCCTTGAAGAGTACAAGAGCATGGATAAAGTTGGAATGATAAGGAACTGTG
GACATGTTTATCACGTCGACTGCATCAAGAAGTGGTTGTCAATGAAGAATATGTGCCCCATCTGCAAA
GCACCTGCTGTTGCTGATGGTTCGAACAAGGAATGATTTGCTTTTACTTCCTCTATTTGATCTTGTTC
ACTTTATCTTGTATATAATAATTTGGTGATGGGATTTGATGACCATTT

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 291 - proteína - Populus trichocarpa

MGHRQMFNPSQFFEMEQDWSHGHPAAGQSYVHMGRAVSQENGSFSHPINPPSIDGPSCASRRNLENRA
LEHSSTYFRSEGPQVHAPLSAPRHDVFPHCPAGGSFYPPPELEATHVHSNHHNRHGIHEGEGGLLDHT
MSAGRGPFKRKSPGVPTSWERGGTSSMYSAGSSSNSFELHHEKPTSDYRNYFSESSGLPPYMGSSLSI
GGEDPPRNVRSRSRLDLEPNPRRTHSSSYTSHPFSSTSHLRNHPGPVDVANLNADRTAYEQNQIGVPP
PAHGRFHTSENNSLSHEMNQHYAGGNPTDIRRYNHDSILSRNPIAPPRHLHGFHAQASREGQNSYSRR
AIPTRRADINSSHLRQEAAAVENGQHFLSETHSSRYSRPLLSGGWHSNHREGRSRISIERFQSLSNVV
DVRDRMGSEALMMLDHSYLYGSRNFLDQYRDMRLDVDSMSYEELLALGERIGIVNTGLPEDVFSKCLV
ETRCHSSDKAQEETSCAICLEEYKSMDKVGMIRNCGHVYHVDCIKKWLSMKNMCPICKAPAVADGSNK
E

SEQ ID NO: 292 - DNA - Populus trichocarpa

CTTGGCTATGAAGCAGGGATAATTTGAGATATGGGACAAAGAAACATGCTATGCACCAATCAGATGAT
TGATTTAGAAATGGATCAACAAAGCCAGGGATATCTACATCCTGAGCCTTGCATCCTTTTAGGGGGTG
TGACAAACTTCCGACCATCTGATATTCCAACCATGGTAGCAGCTTCAGGGAACACTAACAATCGTGAC
GCTCATCTAGTGGATCATTATGATGGTGCTATGTTTTATGGTATGCCCCAATACCATGGTCTTCATCC
CCATCGTCAATATCATGGCCCAAATCTTGATTTAAGTGTTGCTACTGCACCCAACTTCTATGTTCCTT
ACATGACTCCATCTTCTGGTATTCCTATCAGTCATGGGCCTTGTGATCAGTTATCATCTTCCAACAAT
TATGGAGTGATTGAAGTTTCTGCTGATGAGTATGGAACAAACAGTCACTTCATGGATAATGCTAGAGG
TTCATTCAAAAGAAAGAATGCTGAAGGAAACCCAGGGAATTTCCAGTATCTGAATGCATCGGCAAGCT
CTAGTTCTTCAGTTGCCCCATTGAATACTAGGCATTCTGAGGGGGGTGCTCTGATGGATGCTACATCA
TTCACCCCGCCACATTACCGAGGGAGCAGTGCTTCATCAATCAGAGATGTGGGATCTCAAAGCAGTGT
GAGGAATAGATTAGGTGCTGCTGGGTTAGATCCTGCTCTGGCGCACAATCTAAACCATTTTATTCAAG
GAAACTATTTGGGTCAACCCTATCAGCCAAGTGGCTCTCTTTGGCTAGATCAACATTTAAGCAACAGT
GGTACTGATGCAGGCACTTCAGGATGGACTCAGACCACTGCTATTCCTTACATGCATGGGAACAATCT
CAATGGAGGTCCTATAGAAATTGGAAATATGGGTCTACAGCGGTATCATGAGCCAGCTAGCAACAGAA
GTAATGCCAGTTTCTCCCGCCCTTCTGCAGTGAACCTTCAGCATCACAATTTTCATCATATGTCTCCA
CCAATTCAAGGAATGAGAGGCCACAATATTAATATTCTTCCTCAAGCACCAGCAGCTTCATTCAGAGT
TCCTACAGCCAATGCCTCACAAATCACCATGAATCCATCTCAAGATGGTTTAGATATTGGACTTAGGC
ATCTAGGATCAGTTCAACCAACTGGCCTTAGAATGTACAGGTCTCACCGTGAGGGAGTTGTACCTGAG
ACCACCCTAAGACATCGCAACCTCCCTCAGTTGAGAGTATTGCCAACAGATGGGGTAGCAATATTAGG
GTTCCCTGACTATTATGAAGTAGAGAATCATGTTGACCACCACAGAGATATGCGCTTGGATATAGAGG
ACATGTCTTATGAGGAGCTTCTTGCACTAGGGGAGCGAATTGGCAATGTAAATACTGGATTGTCAGAG
GGAACCATCAGAAGCCAATTAAAAACAAGGACTTATTTATCATCTCCTTCAATCAATTTGGAAGAGGC
AGCTTGTATGGATCAAGAAGCTGATTCTTGTATTATTTGCCAGGATGATTATAAGAGCAAGGAGAAAA
TTGCAGCTCTTGATTGTGGACATGAGTATCATGCAGTTTGCTTGAAGAAGTGGCTACGCTTGAAGAAT
GTCTGCCCCATCTGCAAATCAGAAGCCTTAAACACGGAAAGAATGGATGTTTAAGGTGGTGATCTTGC
TTTATATAAAATGAAAGGAAAAATAAAGTAGAGGAAAGGGGTGACAGTTTCTTTCTCATAATTTGT

SEQ ID NO: 293 - proteína - Populus trichocarpa

MGQRNMLCTNQMIDLEMDQQSQGYLHPEPCILLGGVTNFRPSDIPTMVAASGNTNNRDAHLVDHYDGA
MFYGMPQYHGLHPHRQYHGPNLDLSVATAPNFYVPYMTPSSGIPISHGPCDQLSSSNNYGVIEVSADE
YGTNSHFMDNARGSFKRKNAEGNPGNFQYLNASASSSSSVAPLNTRHSEGGALMDATSFTPPHYRGSS

FIGURA 19 cont.

ASSIRDVGSQSSVRNRLGAAGLDPALAHNLNHFIQGNYLGQPYQPSGSLWLDQHLSNSGTDAGTSGWT
QTTAIPYMHGNNLNGGPIEIGNMGLQRYHEPASNRSNASFSRPSAVNLQHHNFHHMSPPIQGMRGHNI
NILPQAPAASFRVPTANASQITMNPSQDGLDIGLRHLGSVQPTGLRMYRSHREGVVPETTLRHRNLPQ
LRVLPTDGVAILGFPDYYEVENHVDHNRDMRLDIEDMSYEELLALGERIGNVNTGLSEGTIRSQLKTR
TYLSSPSINLEEAACMDQEADSCIICQDDYKSKEKIAALDCGHEYHAVCLKKWLRLKNVCPICKSEAL
NTERMDV

SEQ ID NO: 294 - DNA - Populus trichocarpa

CTTGGCTATGAAGCAGGTATAATTTGAGATATGGGACAAAGAAACATGCTATGCACCAATCAGATGAT
TGATTTAGAAATGGATCAACAAAGCCAGGGATATCTACATCCTGAGTCCTGCATTCTTCTAGGGGGTG
TGACAAACTTCCGACCACCTGATATTCCTACCATGTTAACAGCTTCAGGGAACACTATCAATCGTGAC
GCCCATCTAGCTGATCGTTATGATGGTGCTATGTTTTATGGGATGCCCCAATACCATGGTGTTCATCC
TCATCCTCAGTATCACAGCCCAAATCTTGATTTAAGTGTGGCTACTGCACCCAACTTCTATGTTCCTT
ACATGACTCCATCTTCTGGTATTCCTATCAGTCATGCATCTTGTGATCAATTATCTTCATCCAACAAT
TATGGAGTGATTGGAGTTTCTGCTGATGAGTATGGAACAAACAGTCACTTCATGGATAATGCTAGAAG
TTCATACAAGAGAAAGAATGCTGAAGGAAATCCAGGGAATTTCCACTATCTGAATGCCTCAGCAAGCT
CTAGTTCCTCAGTTCCCCCAATGAATACAAGGCATCCCGAGGGGGTTGCTCTGATGGATGCTACATCA
TTCACCCTGCCACATTACAGGGGGACTAGTGCTTCATCAATCAGGGAAGTAGGATCTCAAAGAAGTGT
GAGGAATAGATTAGGTTCTGTGGGGCTCGATCCTGCCTTGACACACAACCCGAACCATTTTATTCAAG
GAAACTATTTGGGCCAACCCTATCAGCCAGGTGGCTCTCTCTGGTTAGAACAACACTTAAGCAACGGT
TCTACTGATGCAGGCGCTTCAGTATGGACTCAGACCCCTACTATTCCTTACATGCACGGGAACAATGT
CAATGGAGTTCCTATAGAAACTGGGAGCATGGGTCCACAGCGGTATCATGAGCCAGCTAGCAACAGAA
GTAATGCCAGTTTCTCGCACCCTTCTCCAGTAAACCCTCAGCACCATAATTTTCATCACCTGTCTCCA
CCAATTCAAGGAATTAGAGGTCACAATATTAATATTCTTCCTCAAGCACCAGCAGCTTCATTCAGAGT
TCCTACAGCCAATGCCTCACAAAGCACTATGAATCTATCTCAAGATGGTTTAGATATTGGACTTAGGA
ATCCGGGATCTGTTCAACCAACCGGCCTTCGAATGTACCGGCCTCGCCATGAGGGAGTTGCACCTGAG
ACCACACTAAGACATCGCAACCTCCCTCGCTTAAGAGTGTTGCCAACAGATGCAACAATACTAGGGTT
CCCTGACTATTATGAAGTAGAGAATTATGCTGACCACCACAGAGATATGCGCTTGGATATAGAGGACA
TGTCTTATGAGGAGCTTCTTGCACTTGGGGAGCGTATTGGTAATGTAAATACTGGCTTATCAGATGCA
ACTATCAGAAGTCAATTAAAAACAAGAACTTATTTATCATCTCCTTATTCAATCAATTTGGAAGTATC
TTGTATGGATCAAGAAGCTGATTCTTGCATTATTTGCCAGGATGATTATAAGAGTAAGGAGAAAATTG
CATCTCTTGATTGTGGACACGAGTATCATGCAGATTGCTTGAAGAAGTGGCTACGCTTGAAGAATGTC
TGCCCCATCTGCAAATCTGAAGCCTTAACCATGGAAGGAAAGGATGTTTAAGGTGGTGATCCTGCTTG
TATAAAATAAAAGGAAAAATAAAGCGGAGGAAAGGGGTGACAGCTTTATAGGCGAGCATTCAA

SEQ ID NO: 295 - proteína - Populus trichocarpa

MGQRNMLCTNQMIDLEMDQQSQGYLHFESCILLGGVTNFRPPDIPTMLTASGNTINRDAHLAIDRYDGA
MFYGMPQYHGVHPHPQYHSPNLDLSVATAPNFYVPYMTPSSGIPISHASCDQLSSSNNYGVIGVSADE
YGTNSHFMDNARSSYKRKNAEGNFGNFHYLNASASSSSSVFPMNTRHFEGVALMDATSFTLPHYRGTS
ASSIREVGSQRSVRNRLGSVGLDPALTHNPNHFIQGNYLGQPYQPGGSLWLEQHLSNGSTDAGASVWT
QTPTIPYMHGNNVNGVPIETGSMGPQRYHEPASNRSNASFSHPSPVNPQHHNFHHLSPPIQGIRGHNI
NILPQAPAASFRVPTANASQSTMNLSQDGLDIGLRNPGSVQPTGLRMYRPRHEGVAPETTLRHRNLPR
LRVLPTDATILGFPDYYEVENYADHHRDMRLDIEDMSYEELLALGERIGNVNTGLSDATIRSQLKTRT
YLSSPYSINLEVSCMDQEADSCIICQDDYKSKEKIASLDCGHEYHADCLKKWLRLKNVCPICKSEALT
MEGKDV

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 296 - DNA - Populus trichocarpa

ATTTCAAGATATTATCAGTAGTCTTATTCGATGGACAATGATGGGAGAAAAGAGCCGGTGGAGGATGA
AGAGAGAAAACAGGCATCGAGTAGGGTCTGTTATACCCAACTCGAACAGGTTCATTCAGATTTGCAA
TAGCAATGGTTTTGCAGGAACAAGAAAGGGCTTTCACAATCCTCACAAGCATCGAAAGCGATAGTAAC
GAGGAAGAAAGTGATGAAGCTTCAAGTTCTGAAAGCGGTGCTGATGACAATGACTATGAGTTCTTTCA
GAGCCATGAATTCGAATCTGAAATGGAATTTCTGCAGGAAGGAGAGGATAGTAACAGCGATGAAGATA
TGGAAGAGGATGAGGTTGACCCAGACGAGCTATCTTACGAAGACTTGATTGCGCTGGGAGAGTTTGTA
GGGCAAGAGAAGAGGGGACTGTCAAGAAATGAAATCTCTACGTGCTTGCGTCCATGTAAGTACGAGTC
TTTAGCAAGCAAAACTGGGACTGATCGGTGTGTGATTTGTCAAATGGAATATGAAGAAGATGAATCAT
TGGTAGCTCTTTCTTGTGATCATCCTTATCATCCTGAATGCATAGCCAACTGGCTTCAAATCAATAAG
ATTTGCCCCATTTGTACCACCGAAGTATCATCGCCTTATAAGAGTGTTTAGTTATTATCCATTTGATA
TGCGTTGTAAAATTCCCAAGATTCAAGATTAATTTGATTGTAACATTTGCGTTCATGTACTCG

SEQ ID NO: 297 - proteína - Populus trichocarpa

MDNDGRKEFVEDEERKQASSRVCYTQLEQVHSDFAIAMVLQEQERAFTILTSIESDSNEEESDEASSS
ESGADDNDYEFFQSHEFESEMEFLQEGEDSNSDEDMEEDEVDPDELSYEDLIALGEFVGQEKRGLSRN
EISTCLRPCKYESLASKTGTDRCVICQMEYEEDESLVALSCDHPYHPECIANWLQINKICPICTTEVS
SPYKSV

SEQ ID NO: 298 - DNA - Medicago truncatula

ATGGATGAATATTCTAGTAAGAGAGCCAATGATGGGGTGATAGTTCCTAGAAAGGGGATGAGCACCAT
GTTTAAAGATACTGCCACTACCCGAGATCGAAATGGTCAAGTATGTAGCCGCCTTGGTTGCAGCAGCA
AAGTCAACTCTTCTAAAGGTGCTCAAATTGGTTCTTCTGAAAAGGGTAAATCTTTGAGGCCTTCATTT
CGGTTCTCATCAAATGGCAAGGAAACAATTGGTAGCTCCTCTAGAACGTTCTCCGGGAGTAGTAGCCC
AGGAAAACCCCATAGAAAGCCTCAGAAAAAGTTATCATCTCAGATAGAGACAGATTCATCTGAAACTA
ATAGTGTACAAGATGAACCAGAAGTTTCAAAGCTCACACCTCCACAAAAAAACCAGAGGGGTCTTCAA
GCCGAAGGGGAAAACACAGATTCTAGTAATGGGGTGCTGATGGAAGTAGGAAGTTCTAGTTTAGCCTC
TAATACAAGATCTAGGAGGAATTTTCATCCAAAACCTGGATTACGTAGTCAAGAAATTCAAAGCACCG
GTCCAGGGACACGTGCTGGTACCAGTAGGTATGGGTTAAGGAACCTCAAATGCAACTCCATTTCTGAT
GTCATGCCCGTCGGTTGTACACCATCTGATTCAACCCTAAACAAAAAGAAGGATGCGATAAAAAAGAG
AAATTGTGAAGGAGAAAGTAGTTCTACAGCTAGAGGCAAAAAAATTAACGGGCCGTTAATTGATGGAC
GGAATTCTGTATCCAGAAATGGCCTATCTATCTCTGATTCAAGAATATCTAGAAATGCCCCTCATAGG
GACAGGGCAGACAGCAACATAGCGTCTGGTAGAACACGAAGATCAATTGGCGGTCATGGTAGGGGAAG
GGTTTCTGGCCAAGGAAATGCTAATCCTGTGGCCCCTAATCAGTCCCTTATCATGGTACCTTCCTTTT
CTTATTCTGGAAATCTTAATTCTCCTGGTGTACAACATCATAATTCTCTGGAGACTCCTTCAAGTCCA
AGTTCTTACAGTGGAGCAGGTACTAGTAGTGAGGAACTGTACGGTGTTATGCCAACGTCTCCTACAGA
ATACGGGCTCACCCATTCTCTAATAAATCGGGATAGCTTTCGACGACGCTACAACATGGATGGTATTG
CAGAGGTACTGTTGGCACTTGAGAGGATTGAACAAGATGTCGAGCTAACACACGAGCAAATTCACTTG
TTGGAGTCCAACTTGTTCCTTACTGGACTAAACTTCTTTGATCAGCATAGAGATATGCGACTGGACAT
CGATAATATGTCATATGAGGAATTACTGGCTCTGGAAGAAAGGATGGGTACTGTGAGCACCGCTGTAA
CAGAGGAAGATCTATCAGAATGCCTAAAGAGAAGTTTCTATCAATCCTCACCCTCAGACAATGCAACC
AAGTGTTGCAATGAGAATAAGGATGATATCAAATGCTGCATCTGCCAGGAGGAGTATGTGGAGGAAGA
TGAAGTGGGGAGTCTACTATGCGAGCACAAATATCATGTTGTTTGCATACAGCAGTGGCTACGACTAA

FIGURA 19 cont.

AGAACTGGTGTCCTATTTGCAAAGCATCAGTGACACCGTCAAGTTCGCCGTCGTCCCACTAGTTATGT
TTTAGGCCAGACAATGGATATTGATTTCTTTCTACCCCTCTTTCTGTTCATTTTAATTTTCACTTTTG
TACAAAATACAGTTTCTCTTCACCTCTTCTTATTAGTCTTTTGTACATAACCAATATCTTCATACCAA
TTATTATCAAATAATACAAGCCACTGGCTTGATAGAT

SEQ ID NO: 299 - proteina - Medicago truncatula

MDEYSSKRANDGVIVPRKGMSTMFKDTATTRDRNGQVCSRLGCSSKVNSSKGAQIGSSEKGKSLRPSF
RFSSNGKETIGSSSRTFSGSSSPGKPHRKPQKKLSSQIETDSSETNSVQDEPEVSKLTPPQKNQRGLQ
AEGENTDSSNGVLMEVGSSSLASNTRSRRNFHFKPGLRSQEIQSTGPGTRAGTSRYGLRNLKCNSISD
VMPVGCTPSDSTLNKKKDAIKKRNCEGESSSTARGKKINGPLIDGRNSVSRNGLSISDSRISRNAPHR
DRADSNIASGRTRRSIGGHGRGRVSGQGNANPVAPNQSLIMVPSFSYSGNLNSPGVQHHNSLETPSSP
SSYSGAGTSSEELYGVMPTSPTEYGLTHSLINRDSFRRRYNMDGIAEVLLALERIEQDVELTHEQIHL
LESNLFLTGLNFFDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERMGTVSTAVTEEDLSECLKRSFYQSSPSDNAT
KCCNENKDDIKCCICQEEYVEEDEVGSLLCEHKYHVVCIQQWLRLKNWCPICKASVTPSSSPSSH

SEQ ID NO: 300 - DNA - Medicago truncatula

ATGATGCAAGGGCCTAGTTCTAACGGCACTGATATGAATCATCAGTCTTCCTTGAATCATGCGCAAAA
TGCAGTAGATTTCCGGCTGTCAGATTATAGGGGGTCTTCTGGTGAGACTGCATGTTTACGTGGTACTG
GTCCTAATGTGAGCTTTAATGGCTGGAATACCGGTGAACCCAGTTCTGGACTGAATCTGGTCAACCAA
GTCAACGATGATGGTCTAAAATCTGAACAAAGGTTGTCTTCGTCATGCAGTGCTATTGCTGAGGATGG
TCTAAGACCCGAGGAAAGGCAATTACTTGGGAACCAATCCAGAATTCATCCTTCCTTTTTGCAAGGTT
CCAGCTCCAATCATACAGCCCAAGGTATTAATTTTGGTATGGAGCACATTGCTAACTCATCTGATCGC
GGGAAAGGTAAAGAAACTGGTAGCGGTGTTAATAACAACGATCCTTTTGGATTAGATAGAGAGAAGAC
ATCAATTGGCAGTTCTTCATTCAACCAAACAGGTGCTTCATCAGCAAGCTCTGGGTACATGGCATGGG
GAGATAGTGGCAGTTCAAGTTCTTCTTTAGCTAATTGGGGTCCTTCCTGCAAAAGAAAGGCCCTTGAA
GATAGTTCTATGCAACTGTGTACTGGAGGAAGCTCGAGTTCCCTTGTACAATCTGAAAATGGTTACTG
GCTTACTGATTCTGTTGATCTTAATGTTCCTGGAAGCTTAGGTGATTTGTCACCTTTAGAGGATTTCC
GTGTTACTAGCCCTCCATTTCAGCAGAATACAAGAAATGAAGTGAGACAAGAAGCTTCCAATGCGTTT
CCTTCAATGGTAAGTATTGCGGAAAATGTGGAAAGGCCTCTACGAAACTTTGATAGGAGAATGACCCA
TCTACATCATCCGGAATCTGTACCTCTCAATTTAACATCAACAGGGAGTGCTAGACATCATAATTATC
CTTCTCCGCATCAAATACCCGGCTCTCTCTCATTTAACGAATCCTTGGATTTAAGGTTAGCAGCTGGA
GTAACAGCTGCTAATTCTGCTGTGCCGCAAAACCAGTCACCATCCCTGCACATGCATCCTTTTCCGTG
GAATAGAGCTGCTAATCCTAGAGTGGCCAGATCTTCAAGTTCTTATAGCTCAGGAGAAAGAGCAGTAC
GTGATGATTTTAATTTAAGAATCTTCCCAAGAGATAGTACCGAGCATCCCATGAACATGCCTGCATCT
TCAGGACATGAACCTGCAGGTTGGTATTCATCTTCTAGTAATTTGAACAATGCTGGAGGCATACCTCC
TCCATCCTGGATTGGATCTACTTCAAACGTCCACTCGTTACCTAATCCTAGCTGGACATTTAACCATG
AAGTCCCAACAGAAAATCTACAGAGAGTTTCAGAGTTCAGTCCCTGGTCCCTTTTTCCTTCAATCAGC
TCAGCATCTGGTACTCATAATGGTCATTCCTCCTCTACTTCCGGCCCTCCTTCATTTTCTCAGGGTTC
TAGTAGTAATCAACCACATCCAAGACCATCATTTATGACGGAAAGAAGGGGTGGTGATGTTCTCTCTG
CTCCTCATTCATTGCCGAACATTACCCTTTGACAATGAGGGGAGACGCCGGCTCATATCTGAGATTCGC
CAAGTCCTGCTAGCAATGCGGAGGGGTGAGAACTTACGAGCTGAGGATTATATGCTCTTTGACCCTTT
CCTATATCATGGCATGGCTGAAATGCACGACAGACACAGAGAAATGCGCCTTGACGTTGATAATATGT
CTTATGAGGAATTGTTGGCATTGGAGGAGCGTATAGGAGACGTAAGCACTGGACTGAGTGAAGATATA
ATTAATAAGTTGATGAAACAGCGATTTTACATGTCTCTCATGACAGAGTCTTCTTCTGATCTCGAACC

FIGURA 19 cont.

TTGCTGTATCTGTCAGGAGGAATATGTTGATGGACAAAATCTCGGTTTGCTAGATTGTGGGCACGAGT
TCCACAGTAACTGCATCACACAGTGGCTAATGCAGAAGAATCTGTGCCCAATTTGCAAAACAACGGCC
TTGGCCTCGTGACGAGGAGAATCTCTCCCTCTTCACATATCATTTCCATTTATCAGTTTTTATCTTTT
GTTGGTTCTATCTATTACTTTGTTTTATTCAATGAACTTCCTCTCATCTTAGATTGGGAACGAAAACA
CACATAAAAAAATAGACATAAAGAAATATTGGTGGTTAAGCTCTATAGTAGAATTACATTTATACTGT
GATAATGGACAATTACATGTCCTTTATGATATCTAAAAGCACTTGAATTATATTATTGATTTTCATTA
TAAGTTTAAGACTGTTGA

SEQ ID NO: 301 - proteína - Medicago truncatula

MMQGPSSNGTDMNHQSSLNHAQNAVDFRLSDYRGSSGETACLRGTGPNVSFNGWNTGEPSSGLNLVNQ
VNDDGLKSEQRLSSSCSAIAEDGLRPEERQLLGNQSRIHPSFLQGSSSNHTAQGINFGMEHIANSSDR
GKGKETGSGVNNNDPFGLDREKTSIGSSSFNQTGASSASSGYMAWGDSGSSSSSLANWGPSCKRKALE
DSSMQLCTGGSSSSLVQSENGYWLTDSVDLNVPGSLGDLSPLEDFRVTSPPFQQNTRNEVRQEASNAF
PSMVSIAENVERPLRNFDRRMTHLHHPESVPLNLTSTGSARHHNYPSPHQIPGSLSFNESLDLRLAAG
VTAANSAVPQNQSPSLHMHPFPWNRAANPRVARSSSSYSSGERAVRDDFNLRIFPRDSTEHPMNMPAS
SGHEPAGWYSSSSNLNNAGGIPPPSWIGSTSNVHSLPNPSWTFNHEVPTENLQRVSEFSFWSLFPSIS
SASGTHNGHSSSTSGPPSFSQGSSSNQPHPRPSFMTERRGGDVLSAPHSLRTLPFDNEGRRRLISEIR
QVLLAMRRGENLRAEDYMLFDPFLYHGMAEMHDRHREMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSEDI
INKLMKQRFYMSLMTESSSDLEPCCICQEEYVDGQNLGLLDCGHEFHSNCITQWLMQKNLCPICKTTA
LAS

SEQ ID NO: 302 - DNA - Medicago truncatula

ATGGGGCATAGACACTTATTCAATGCATCTCCAATGTTTGAGGGCGAGGCTGACCCGAATTGGAATAA
TATGCTGACTGATCAACATCATGTGAACCATGGTGGGACCAGCTCTTCAGAAAATGGTTCTTTTATTT
ATCCTGTGGAAAATATGTCTATAGATAACATTTATTTCCCTTCTCATTGGAACGCCAACACAAGGTCA
AATGGATATGCATCCTCAGGCCCCAATATTGAAGTACCACCTCCTCATCAATTGGACACATCGGGCAC
TTCTACTAATGATCATTTTATGCATTCGTCTAGTGCTGGACCTTTCTTTGCAGTATCTGAAAACTTTG
TACACCAGCCTTCTTCTTCCAATTATGACAGACAAGCATTTCATGTTGATAGTGGTTTTATTGATCTT
ACAATGGGGAGTGGACGAGCGCATCACAAGAGGAAGAGCCCTGGAATTCCTTCAGTCTATGAGAGAGG
CAGTTCAAGTGGGTATTTCAATGCTGGGACTTCAAGTGATCTTCCGATACCTCCAGAATCATGGCCAG
AGAAACCAAATATGGATCCTCAATATATGCCTTGGGATCATGCTGCTATGGCACCCACATTCAGAGGT
GCTGGTCTCTCAATGAAGGGTGAGAGTTCTGTAAGGAATGTTAGGAGCCGTTCTTCACTTGATTTGGA
ATCCAACCTGTGTAGGACCCATTTATCAAGTAGCCATTCACACAACTCGTATCCTACTGTCCCACCAG
TCAGCCATTCTAGCTTGGCGGATCTTTCTCAGGTTTCCACCTCTCTGACAAGGGATTGGAGCCAAATG
AACGTAACTCCTGCTAATGGAAGAGTGTTATTACCAGATGCTAGTACTTTTGGTCTTGAGACAAGTCA
CTTCCCTGTTGGAAATGCTGCTGCTGCTGCCGCTGCTAGTAATGCTACTGTAGATGTTGGAAGCTTCC
ATCATGATTTTGGCACAAGCAGAAACCCTACTACTGCTCAAAGTTTTCAAAATTTAACTCAGACTGCT
AGGGGAACTCGAAGTAATTACTCTCAGAGATCCACTCCAGCTTATAGGGCTTCTTCAAGCTTGCGCTT
GGGTCAAGCGACACCTTCAGATAATGGGTTGCCCATGGTAGCTGAAGGTTACCCTTCTAGACATCCAA
GGCCATTGAACACTGTTGGCTGGCGGAACAGTGACAGAAATGGAAGGTCAAGAATTTCTAGTGAAAGA
TATAGATCACTGGCTGATCAGGCTGCTCTCCATGCAAGATTATCATCCTCTGAGGTACCGGGTTTTAT
GATTGTTGAGCGTGCCTCACTATATGGTTCTAGGAATGTGCTTGATCAGCACAGAGAAATGAGGATGG
ACATTGATAACATGAGCTATGAGGAACTACTTGCACTTGGGGAGAGGATTGGCCAAGTGAACACAGGA
TTGTCTGAGGATGTTCTTTCCAAGTGTGTGACAGAAACAATATATTGTTCATCTGACCAATGTCAGGA

FIGURA 19 cont.

TGAAGGAAGCTGTGTGATCTGTCTGGAAGAGTACAAGAACATGGACGATGTTGGGACACTTAAAACTT
GTGGACATGACTACCATGTAAGCTGCATCAAAAAGTGGTTATCTATGAAGAAACTATGTCCTATCTGC
AAATCTTCTGCTTTGCCTGAGGATAAGAAGGATAAATAATTTATACTATAGTATTTATAGTATTTATT
GATCTCATTTGTACATATATTTGGACGTCCTTCAAATTGAGGAAACAGACTGGCTTTTGGAAATGGTG
TAACAAGAATGCTACTGCATGTCAATGTATTTGTTTGGCTTCGATCTTAATTTAGTGAAGCCTAGAAA
TCATTGTGAATTTGAAACGGATCTGGTTTGCTTCTATTTTTAATAACAAAAGAAACTA

SEQ ID NO: 303 - proteína - Medicago truncatula

MGHRHLFNASPMFEGEADPNWNNMLTDQHHVNHGGTSSSENGSFIYPVENMSIDNIYFPSHWNANTRS
NGYASSGPNIEVPPPHQLDTSGTSTNDHFMHSSSAGPFFAVSENFVHQPSSSNYDRQAFHVDSGFIDL
TMGSGRAHHKRKSPGIPSVYERGSSSGYFNAGTSSDLPIPPESWPEKPNMDFQYMPWDHAAMAPTFRG
AGLSMKGESSVRNVRSRSSLDLESNLCRTHLSSSHSHNSYPTVPPVSHSSLADLSQVSTSLTRDWSQM
NVTPANGRVLLPDASTFGLETSHFPVGNAAAAAAASNATVDVGSFHHDFGTSRNPTTAQSFQNLTQTA
RGTRSNYSQRSIPAYRASSSLRLGQATPSDNGLPMVAEGYPSRHPRPLNTVGWRNSDRNGRSRISSER
YRSLADQAALHARLSSSEVPGFMIVERASLYGSRNVLDQHREMRMDIDNMSYEELLALGERIGQVNTG
LSEDVLSKCVTETIYCSSDQCQDEGSCVICLEEYKNMDDVGTLKTCGHDYHVSCIKKWLSMKKLCPIC
KSSALPEDKKDK

SEQ ID NO: 304 - DNA - Medicago truncatula

ATGCAAGGGCAGAGAGGCACAATTGGTTCCTCATCTGAAACCTTCGAGTTTGATTGTGGATCTACATC
AAGTACTGCTGCTGTTGATCAGCACATTTTTTGGAATAATATGCACACTCCTGCCGAAAATCGGATAC
CCGAGTTTATGCTTTCCCCAAGTGAGATGAACCCGCCTCACGGGAATTCTCTAAACCATGAATGGCAG
AACTTGAGCGGATGGAGCTTAGGAGAACCAAGTTCCAGTAATACACAGAACGAAGTTAACAACAATGA
GCTGAAAAGGGAGTTAGGGTTATCACCTCCGATAAATGGTGGTGCTATAGCTGGTCCAAGACTAGAAG
AAAGGCACTTTGAACCAACTAGTGCATTTTCATTGGATAACGTCAATACAGGTCCTATGTATATGTGC
AGCCCCAATTCTCATTTGGTACCACAAAATCTCAATTTAAATGCCAGTTTAACAGATAATGGCATCGA
TAATAGCTATCATGTGGAAGTTGAACATCCCAACATGCACAAATCCAGTGGTCCTCTAAATGAGCATA
TTCCACCTCCGATTACTTCTGGTTCTTTTTTGCTTCCTTCTGGTGGAAGTAACAGCATTTATCTCGGG
GATACCGATGGTCGGCCAGGTTGTTCTCTAGACACCCGCCGTGTATCTTGTAAACGAAAGGCAGTTGA
AGGAAATGGTGGACAATCTTCAGACGGTGGAAGTTCTAGCTATAGCCAGCATACAGTTGGCAGTGCTT
GGAATACTCTTCCTACTCAGGATTATGCAGGGAGCAATTTTAACCAATCTGCACCGGCAGAACAGGTG
AATGCAAGACTTGGCCTGAGTGTCGGGGACGGATCTTCTGAAACCATACCTGGGTCAACTGTTGCAGG
AAGCTCGGAAAGCTTCCACAGAAATTTTCGTTTGAGGATAAATCCTTCAAGCCAACAAATTTCTCTTC
CTCCAGCCACATTCTCACATGGGAGTGTGATCAGAAACTCTAGTGTTCCTTCATCTGCTCCAATGTTG
CAAAGGTACCACCCTATCAATAATCCTCTGGACTTGAGGTCAGTACAACCAGTAAATGTGATGCATCC
TCAAAGCGAACCTCTTCTGGTTCATGTTCCTGCGTTACCGAGGAGTGCGCAATCCATCAGGTGGAGTG
GTGGTTCTAGCTCAACAAACAACCATTCGTCAAATTCAGTTTTAGGCTTAGATAGGGATACTCAACCA
CATGAGGAAGCAGGCTCAAGAGCTATGGCTAGAAACATTTTAGATCACCCAGTGTTTGTACCTGCAAA
TGTAAGAAATGCGGCTCGAAATCCAGCTAGGTCTTCGAGCAGTGCAAACTTAAGTATTCCAGGAAATG
TTGCTTCGTCATCAAGAACTGCACCAAATCCTCCAGCTTTGAATCCATCATCTGTCTCGGCGTGGGTT
TCTCGTCCTAATCCTCAGCAGTATCCTCGCAGGTTATCTGAATATGTCCGTCGGTCCTTGTTTTCTCC
CGGTTCTGAAGGTGGAAGTTCAAGCAATAACTATCCTTCCTTGCGTGGTCCTTCCACTTCGTCAGAAT
CAAGAAATCTGCCATCTGGGACCAACCCTGGATCATCTCCATGGATGGAGAGGTCAGCTGATAGTGAA
TTTGGAATTCCCTATTCCTTACGATCGTTGGCTGCTGCTGGTGAAGGAAGTAGTAGACTTGTATCCGA

FIGURA 19 cont.

GCTCCGCAATGTGTTGGGCATCATGCGTAGGGGTGGGAACCTGCGGTTTGAGGATGTTATGATTCTCG
ACCATTCAATGTTTGCTGGGATTGCTGATATGCATGATAGGCACAGGGATATGCGGCTTGATGTTGAT
AACATGTCTTACGAGGAGTTATTGGCTCTGGAAGAACGCATTGGAAATGTCAGCACAGGATTGAATGA
GGAGACCATTATGAAACATTTGAAACAGAAGAAATACTCAGTTGATGGATTGGGTTCACAGAGTGAGA
CAGAACCCTGCTGTGTTTGTCAGGAGGAGTTTAAAAATGAAGATGATATTGGATCATTGGATTGCGGG
CATGATTATCACATCGACTGTATTAAACAGTGGCTAACCCATAAGAATATCTGTCCAATTTGTAAGAC
AACAGGCTTGGCAACATGAGGCTTGTGACTCATATATTCTATTCTATCTTATTATAAGATAAGATGAA
CACATAGAGGTCAAGAAAACTGGCACAATTAGTCAGGAAAATTCTGCTTAATTGAAGTTGAAGTTTCT
GGTGCCTTTGTTACTTATTAAATGGCCGTTAAGATTTAGCCAAATTTTCTTTATTATCATTTTTTGTT
TTATTTGGGGAAACCAATTATCTCCCGGTTAAGGTGAAACATGAGATGATTGGTGTTGGATGAAGGAA
TATTTCTAAACTCTAGCTGATAAAGATTGTTTTACATTTGGGGAAATTTCTAT

SEQ ID NO: 305 - proteína - Medicago truncatula
MQGQRGTIGSSSETFEFDCGSTSSTAAVDQHIFWNNMHTFAENRIPEFMLSPSEMNPPHGNSLNHEWQ
NLSGWSLGEPSSSNTQNEVNNNELKRELGLSPPINGGAIAGPRLEERHFEPTSAFSLDNVNTGPMYMC
SPNSHLVPQNLNLNASLTDNGIDNSYHVEVEHPNMHKSSGPLNEHIPPPITSGSFLLPSGGSNSIYLG
DTDGRPGCSLDTRRVSCKRKAVEGNGGQSSDGGSSSYSQHTVGSAWNTLPTQDYAGSNFNQSAPAEQV
NARLGLSVGDGSSETIPGSTVAGSSESFHRNFRLRINPSSQQISLPPATFSHGSVIRNSSVPSSAPML
QRYHPINNFLDLRSVQPVNVMHFQSEPLLVHVPALPRSAQSIRWSGGSSSTNNHSSNSVLGLDRDTQP
HEEAGSRAMARNILDHPVFVPANVRNAARNPARSSSSANLSIPGNVASSSRTAPNPPALNPSSVSAWV
SRFNPQQYFRRLSEYVRRSLFSPGSEGGSSSNNYPSLRGPSTSSESRNLPSGTNPGSSPWMERSADSE
FGIPYSLRSLAAAGEGSSRLVSELRNVLGIMRRGGNLRFEDVMILDHSMFAGIADMHDRHRDMRLDVD
NMSYEELLALEERIGNVSTGLNEETIMKHLKQKKYSVDGLGSQSETEPCCVCQEEFKNEDDIGSLDCG
HDYHIDCIKQWLTHKNICPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 306 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL1
CERKCSICQEEYSDGEEVGKMVCKHYYHFSCIKNWLRQKNWCPICKSVALNT

SEQ ID NO: 307 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL3
DDIKCSICQEEYIEGEEVGRLGCEHQYHVCCIHQWLRQKNWCPICKASAEPS

SEQ ID NO: 308 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL4
VEPCCICQEEYAEGEDMGRLDCGHDFHTACIKQWLVIKNLCPICKKTGLGT

SEQ ID NO: 309 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL5
DDGKCAICLEEYKDNSLLGILKCNHDFHTDCVKKWLKEKNSCPICKSAAA

SEQ ID NO: 310 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL6
VERNCSICQEEFEANEETGRLICGHSYHVQCIKQWLSRKNTCPVCKTVVSKT

SEQ ID NO: 311 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL7
DNERCVICLEEYKHEDTLGRLKCGHGFHCNCIKKWLQVKNTCPVCKAAAADE

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 312 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL8
EKDACIICQEEYEAKELVGTLGCGHKYHAMCIKGWLMVKNLCPICKTTALPA

SEQ ID NO: 313 - proteína - ZfC3HC4_Orysa_ARKL9
MEQCVICRVEFEEGESLVALPCKHSYHSECINQWLQLNKVCPMCSAEVPTS

SEQ ID NO: 314 - proteína - ZfC3HC4_Zeama_ARKL1
MERKCSICQEEFETNEEMGRLDCGHSYHVYCIKQWLSQKNICPVCKTAVSKN

SEQ ID NO: 315 - proteína - ZfC3HC4_Zeama_ARKL2
DFEPCCICQEEYADGDDLGRLDCGHDFHAGCIKQWLVVKNVCPICKSTALKK

SEQ ID NO: 316 - proteína - ZfC3HC4_Horvu_ARKL1
DDIKCSICQEEFVKGEEVGRLRCEHQYHVCCIRQWLLQKNWCPVCKAPALPS

SEQ ID NO: 317 - proteína - ZfC3HC4_Horvu_ARKL2
EFEPCCICQEDYVEGDDLGTLHCGHDFHASCISQWLVVKNLCPICKSTALKT

SEQ ID NO: 318 - proteína - ZfC3HC4_Horvu_ARKL3
CDRKCSICQEEYSGGEEVGNMACKHYYHITCIQHWLRQKNWCPICKSVAAKT

SEQ ID NO: 319 - proteína - ZfC3HC4_Lyces_ARKL1
LERQCTICQEEYEAEDEMGKLDCGHFYHIRCIKQWLSQKNSCPVCKSAAMSN

SEQ ID NO: 320 - proteína - ZfC3HC4_Lyces_ARKL2
DAEPCCICQEEYKDGEDLGKLDCGHDFHADCVKQWLMQKNLCPICKTTGLNT

SEQ ID NO: 321 - proteína - ZfC3HC4_Lyces_ARKL3
DDIKCSICQEEYVIGDEIGNLGCEHGYHMECIKQWFKLKNWCPICKAAVESS

SEQ ID NO: 322 - proteína - ZfC3HC4_Glyma_ARKL1
DAEPCCVCQEDYGDGNDIGTLDCGHDFHSSCIKQWLMQKNLCPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 323 - proteína - ZfC3HC4_Glyma_ARKL2
DAEPCCVCQEDYGDGNDIGTLDCGHDFHSSCIKQWLMHKNLCPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 324 - proteína - ZfC3HC4_Zinel_ARKL1
RCRPCCICQEEYKDGDDLGTLDCTHDFHYGCIKQWLQQKNLCPTCKSTGFAS

SEQ ID NO: 325 - proteína - ZfC3HC4_Lotja_ARKL1
EGSCVICLEEYKNMDDVGTLKTCGHDYHVNCIKKWLSMKKLCPICKASVMPE

SEQ ID NO: 326 - proteína - ZfC3HC4_Arath_ARKL1
EDAKCSICQEEYTIGDEVGRLHCEHTYHVKCVQEWLRIKSWCPICKATAETS

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 327 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL2
ETEPCTICQESFKNEEKIATLDCGHEYHAECLEKWLIVKNVCPICKSEALVM

SEQ ID NO: 328 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL3
QRKCAICLEEYKEKEELGEVKGCGHDYHGRCIKKWLSMKNSCPICKSPALPD

SEQ ID NO: 329 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL4
DDVKCSICQEEYVDGDEVGTLPCQHKYHVSCAQQWLRMKNWCPICKTSAESQ

SEQ ID NO: 330 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL5
DAEPCCVCQEEYTEGEDMGTLECGHEFHSQCIKEWLKQKNLCPICKTTGLNT

SEQ ID NO: 331 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL6
DMEPCCVCQEEYAEGDDLGTLGCGHEFHTACVKQWLMLKNLCPICKTVALST

SEQ ID NO: 332 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL7
EVEPCCVCQEEYKEEEEIGRLECGHDFHSQCIKEWLKQKNLCPICKTTGLNT

SEQ ID NO: 333 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL8
NIEPCCICQEEYVEGDNLGTLKCGHEFHKDCIKQWVMIKNLCPICKTEALKT

SEQ ID NO: 334 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL9
VDRKCSICQDEYEREDEVGELNCGHSFHVHCVKQWLSRKNACPVCKKAAYGK

SEQ ID NO: 335 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL10
DDIKCSICQEEYVDGDELGTIPCQHMYHVSCVQQWLRMKNWCPICKTSAEEE

SEQ ID NO: 336 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL11
ETDSCTICQENYKNEDKIATLDCMHKYHAECLKKWLVIKNVCPICKSEALVI

SEQ ID NO: 337 - proteina - ZfC3HC4_Arath_ARKL12
ADRKCIICQDEYEAKDEVGELRCGHRFHIDCVNQWLVRKNSCPVCKTMAYNK

SEQ ID NO: 338 - proteina - ZfC3HC4_Poptr_ARKL1
DDIKCSICQEEYVVGDEVGRLQCEHGYHMSCIHQWLSLKNWCPICKASVAPS

SEQ ID NO: 339 - proteina - ZfC3HC4_Poptr_ARKL2
EAEPCCICQEEYNDGEDLGTLDCGHDFHAGCVKQWLMHKNWCPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 340 - proteina - ZfC3HC4_Poptr_ARKL3
DLEPCCICQEEYVDGDDMGIIDCGHDFHTNCIKQWLMQKNLCPICKMTALLT

SEQ ID NO: 341 - proteina - ZfC3HC4_Poptr_ARKL4
DLEPCCICQEEYVDGDDMGIIDCGHDFHTNCIKQWLMQKNLCPICKMTALLT

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 342 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL5
DLEPCCICQEEYVDGDDMGIIDCGHDFHANCIKQWLMQKNLCPICKMTALIT

SEQ ID NO: 343 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL6
LEKKCSICQDDYEEDGEVGKLDCGHGFHIQCIKQWLGQKNTCPVCKTEPVGR

SEQ ID NO: 344 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL7
ETSCAICLEEYKSMDKVGMIRNCGHVYHVDCIKKWLSMKNMCPICKAPAVAD

SEQ ID NO: 345 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL8
EADSCIICQDDYKSKEKIAALDCGHEYHAVCLKKWLRLKNVCPICKSEALNT

SEQ ID NO: 346 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL9
EADSCIICQDDYKSKEKIASLDCGHEYHADCLKKWLRLKNVCPICKSEALTM

SEQ ID NO: 347 - proteína - ZfC3HC4_Poptr_ARKL10
DRCVICQMEYEEDESLVALSCDHFYHPECIANWLQINKICPICTTEVSSP

SEQ ID NO: 348 - proteína - ZfC3HC4_Medtr_ARKL1
DDIKCCICQEEYVEEDEVGSLLCEHKYHVVCIQQWLRLKNWCPICKASVTPS

SEQ ID NO: 349 - proteína - ZfC3HC4_Medtr_ARKL2
DLEPCCICQEEYVDGQNLGLLDCGHEFHSNCITQWLMQKNLCPICKTTALAS

SEQ ID NO: 350 - proteína - ZfC3HC4_Medtr_ARKL3
EGSCVICLEEYKNMDDVGTLKTCGHDYHVSCIKKWLSMKKLCPICKSSALPE

SEQ ID NO: 351 - proteína - ZfC3HC4_Medtr_ARKL4
ETEPCCVCQEEFKNEDDIGSLDCGHDYHIDCIKQWLTHKNICPICKTTGLAT

SEQ ID NO: 352 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL1
FNDRYRGMRMDIDGMSYEELLALGDRIGTVSTGLSEDALSKCLD

SEQ ID NO: 353 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL2
FNDRYRGMRMDIDGMSYEELLALGDRIGTVSTGLSEDALSKCLD

SEQ ID NO: 354 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL3
SHDQHSDMRMDIDNMSYEELLALGDRIGSVSTALSEEQFVKCLR

SEQ ID NO: 355 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL4
LIDRHRDMRLDVDNMSYEELLALGERIGYVNTGLSEDKIRTGLK

SEQ ID NO: 356 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL5
AQDPHRAMRLDIDNMSYEDLLALGESIGNVCTGLVDEKISGCVR

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 357 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL6
MHDQHQDWRLDVDNMTYEELLDLEDRIGYVSTGLHDDEIARSLR

SEQ ID NO: 358 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL7
AFDPHWDMRLDIDDMSYEELLALEERIGHVNTGLADEKISGCVM

SEQ ID NO: 359 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL8
VIDEHRDMRLDVDSMTYEELVALEERIGNVNSGFTESYIEENLK

SEQ ID NO: 360 - proteína - PfamB2828_Orysa_ARKL9
DDFQDAWEDVDPDEYSYEELVALGEVVGTESRGLSADTLASLPS

SEQ ID NO: 361 - proteína - PfamB2828_Zeama_ARKL1
MYDRYQDWRLDVDNMTYEELLELGDKIGYVNTGLRDDEITRNLR

SEQ ID NO: 362 - proteína - PfamB2828_Zeama_ARKL2
IHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVGTGLSEEAVIRLLK

SEQ ID NO: 363 - proteína - PfamB2828_Horvu_ARKL1
SHDHHSDMRMDIDNMSYEELLALEERIGFVSTALSEEQFAKCIR

SEQ ID NO: 364 - proteína - PfamB2828_Horvu_ARKL2
IHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVSTGLTENDVMKLLK

SEQ ID NO: 365 - proteína - PfamB2828_Horvu_ARKL3
LSDRHRAMRMDIDGMSYEELLALGDRIGTVNTGLSEDALYKCLK

SEQ ID NO: 366 - proteína - PfamB2828_Lyces_ARKL1
GLDRYRNWRLDVDNMSYEELLELGDRIGYVNTGLREDEIARCVR

SEQ ID NO: 367 - proteína - PfamB2828_Lyces_ARKL2
IQDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVCTGLTEETILNRLK

SEQ ID NO: 368 - proteína - PfamB2828_Lyces_ARKL3
FYDQHRDMRLDIDDMSYEELLALEERIGSVSTALPEEELLKCLR

SEQ ID NO: 369 - proteína - PfamB2828_Glyma_ARKL1
VHDRHGDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLSEETLSKLLK

SEQ ID NO: 370 - proteína - PfamB2828_Glyma_ARKL2
VHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLSEETLSKLLK

SEQ ID NO: 371 - proteína - PfamB2828_Zinel_ARKL1
IHDRHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGNVNTGLTEETILKHIR

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 372 - proteina - PfamB2828_Lotja_ARKL1
MLDQHRDMRMDIDNMSYEELLALGERIGHVNTGLSEDSFSQCMT

SEQ ID NO: 373 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL1
FHDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERIGTVSTALTEEAISKCLK

SEQ ID NO: 374 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL2
HIDHHRDMRLDIEEMSYEELLALSERIGTVNTGLPEEDVKNHLK

SEQ ID NO: 375 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL3
MLDHHRDMRLDIDNMSYEELLDLGERIGSVNTGLSDSAISSCLL

SEQ ID NO: 376 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL4
FHDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERMGTVSTALSEEALLKSLK

SEQ ID NO: 377 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL5
GHDRYRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVCTGVNEETISNRLK

SEQ ID NO: 378 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL6
MHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALGERIGDVSTGLSEEVILKVMK

SEQ ID NO: 379 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL7
IHDRYRDMRLDVDNMTYEELLSLEERIGDVCTGLNEETISNRLK

SEQ ID NO: 380 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL8
MHDRHREMRLDVDNMSYEELLALGERIGDVSTGLSEEVILKAMK

SEQ ID NO: 381 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL9
SRDNYHELRLDVDSMSYEQLLELGDRIGYVNTGLKESEIHRCLG

SEQ ID NO: 382 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL10
FYDQHRDMRLDIDNMSYEELLALGDKMGTVSTALSEEALSRSLK

SEQ ID NO: 383 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL11
YVDHHQDMRLDIEDMSYEELLALSDQIGTVKTGLSSEDVKELLK

SEQ ID NO: 384 - proteina - PfamB2828_Arath_ARKL12
SFDQFRDMRLNVDNMTYEQLLELGERIGHVNTGLTEKQIKSCLR

SEQ ID NO: 385 - proteina - PfamB2828_Poptr_ARKL1
FHDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERMGTVSTALTEEALSECLK

SEQ ID NO: 386 - proteina - PfamB2828_Poptr_ARKL2
MYDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLSEETIVNNLK

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 387 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL3
MHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSEETILKLLK

SEQ ID NO: 388 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL4
MHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSEETILKLLK

SEQ ID NO: 389 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL5
MHDQHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSGETILKLMK

SEQ ID NO: 390 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL6
RMDRFSNWRLDIDHMTYEQLLDLGDRIGYVNTGLKEDEISRCVK

SEQ ID NO: 391 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL7
FLDQYRDMRLDVDSMSYEELLALGERIGIVNTGLPEDVFSKCLV

SEQ ID NO: 392 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL8
HVDHHRDMRLDIEDMSYEELLALGERIGNVNTGLSEGTIRSQLK

SEQ ID NO: 393 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL9
YADHHRDMRLDIEDMSYEELLALGERIGNVNTGLSDATIRSQLK

SEQ ID NO: 394 - proteína - PfamB2828_Poptr_ARKL10
SDEDMEEDEVDPDELSYEDLIALGEFVGQEKRGLSRNEISTCLR

SEQ ID NO: 395 - proteína - PfamB2828_Medtr_ARKL1
FFDQHRDMRLDIDNMSYEELLALEERMGTVSTAVTEEDLSECLK

SEQ ID NO: 396 - proteína - PfamB2828_Medtr_ARKL2
MHDRHREMRLDVDNMSYEELLALEERIGDVSTGLSEDIINKLMK

SEQ ID NO: 397 - proteína - PfamB2828_Medtr_ARKL3
VLDQHREMRMDIDNMSYEELLALGERIGQVNTGLSEDVLSKCVT

SEQ ID NO: 398 - proteína - PfamB2828_Medtr_ARKL4
MHDRHRDMRLDVDNMSYEELLALEERIGNVSTGLNEETIMKHLK

SEQ ID NO: 399 - proteína - Motivo 1
YE(Q/E)L(L/I)XL

SEQ ID NO: 400 - proteína - Sequência de consenso de domínio RING
CXXCXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXCXXXHXXXHXXCXXXXXXXXXXXXX
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXCXXC

FIGURA 19 cont.

SEQ ID NO: 401 – proteína

CX(I/V)C(Q/L)EE(Y/F)X6(G/V)X3CX1HX2HX2CX2WLX5CX2C

SEQ ID NO: 402 – proteína - domínio RING da proteína ARK de Mus musculus

DTEEKCTICLSILEEGEDVRRLPCMHLFHQVCVDQWLITNKKCPICR

SEQ ID NO: 403 – proteína – domínio RING da proteína Goliath de Mus musculus

RTGEINIAVTKEWFIIASFGLLSALTLCYMiIRATASLNANEVEWF

SEQ ID NO: 404 – DNA – iniciador 1

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGATGATCACATGGGAAGA

SEQ ID NO: 405 – DNA – iniciador 2

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTTTGGTTTCTGAAGAAGCACC

SEQ ID NO: 406 – DNA – Oryza sativa – sequência promotora

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATATAA
AATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACTTTAG
TGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGTGGGAAA
ATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCGAGGTAGCC
ATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGTAAAGAGAGAG
ATTTTTTTTAAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAACATATAATTATA
TAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTACTCCATCCCAATTT
TTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTTCGATTAGATGCAAGGTAC
TTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAATACACGTTCAACTAGCAAC
ACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATCTGAATTCAAGCACTCCACCA
TCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTTACAGAATAGCATGAAAAGTATG
AAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATTTTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCT
CCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACAGAACAACCCACAAAAAACGATGATCT
AACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAGGCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAG
GCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAAATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATA
GGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAGGACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCC
TTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGTCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAG
GGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGG
AAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCAT
GTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGG
TTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGAT
TTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACGGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGAC
GAAGCTATCCTTTGTTTATTCCCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGA
GATTGAATGATTGATTCTTAAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCC
ATCACGAAATTCATGGAAACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTT

FIGURA 19 cont.

TAGTCCCAGAATTTTTTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATT
GCTACAAATAATGCTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTT
TAGTCAGGAGAAGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATA
AGCAGTATTCATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTG
GCATGAACTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTA
CCTGTAGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAA
TCGGGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCAC
TTTCACCAGCAAAGTTC

SEQ ID NO: 407 - DNA - cassete de expressão

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATATAA
AATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACTTTAG
TGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGTGGGAAA
ATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCGAGGTAGCC
ATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGTAAAGAGAGAG
ATTTTTTTTAAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAACATATAATTATA
TAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTACTCCATCCCAATTT
TTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTTCGATTAGATGCAAGGTAC
TTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAATACACGTTCAACTAGCAAC
ACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATCTGAATTCAAGCACTCCACCA
TCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTTACAGAATAGCATGAAAAGTATG
AAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATTTTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCT
CCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACAGAACAACCCACAAAAAACGATGATCT
AACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAGGCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAG
GCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAAATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATA
GGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAGGACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCC
TTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGTCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAG
GGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGG
AAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCAT
GTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGG
TTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGAT
TTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACGGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGAC
GAAGCTATCCTTTGTTTATTCCCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGA
GATTGAATGATTGATTCTTAAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCC
ATCACGAAATTCATGGAAACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTT
TAGTCCCAGAATTTTTTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATT
GCTACAAATAATGCTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTT
TAGTCAGGAGAAGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATA
AGCAGTATTCATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTG
GCATGAACTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTA
CCTGTAGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAA
TCGGGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCAC
TTTCACCAGCAAAGTTCATTTAAATCAACTAGGGATATCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAA
CAATGGATGATCACATGGGAAGACGGACAGTTGGTGGCCTTCTCTTCACCAAGGGGGGCTCAATTCTT

FIGURA 19 cont.

CTCTTCAGAGAAGACAGTGCGCGTCACAAGGCCACCAATTGCTGCACGCGACACGGTTGCAGCAGCAA
GCATTTGGCCGGCAAAGACAAGCAAACACACAGGGCAGCAACAGCAGCCAAGGAAGCATCAGAAACCC
CTCGGAGATCACAGATTTTCAGGAAACCCAGCACGAGGACTCCTCAGGGAAGTACTGCTACTGATAAC
ATCAGCAGGAATGCAGCAAGCTCCTATAGCGAAAACGACAATAGGCCAAGAGAAACTCCAGGGCGTGA
TTTAATCGCTCGTCTCAAAGAGAGGGTCAATGCATCAAGAAAACGATCATTGAACAGAGAAAACAGTC
CATCATCACCAAATGGATTAAGTGCTACTTCCTCAAGTAGTAGCCGCACAGTCTCAAGACCGTCGCAT
CGGGCAGCTTCCCGAATAAGGAAGGCAGATGAAGGTGCAAATGCAGGAGCTGTAAATGTACGCAGAGA
CAGCAGTGGAGATACCAGGAGGAATTCAGATAGGGATGTCGATGATTTCTTGCTAGTTGAGCAGGCAG
CAAGAGATAGCACTGAAGGATTCATATCTGGATTCTTGGCAAGATACAGAAGTAATCATCAGGGACTA
CTTTCATCTTTGGACGACAGCATAGAGGATGCAAATGGGTACTGGCGCTTCAATATGGAAGGAAGTGA
AGAGCTTGAGAACTACTTCATATTCAATGATCGGTACAGAGGGATGAGAATGGACATTGACGGCATGT
CTTATGAGGAATTGCTAGCATTGGGAGATAGAATTGGCACCGTAAGCACTGGCCTTTCAGAAGACGCG
CTGTCCAAGTGTCTAGACAGAAGCATGTACATGGCCACTACTTCAGGAACTCATGAAGATTGTGAGAG
AAAATGCAGCATATGCCAGGAGGAATATTCAGATGGTGAGGAGGTGGGCAAGATGGTCTGCAAACATT
ACTACCACTTCTCCTGCATAAAGAACTGGCTCCGGCAGAAGAACTGGTGTCCCATTTGTAAATCCGTC
GCTCTGAATACCAACTAG

FIGURA 19 cont.

mdtasfvtsllsfvifvvlvlvftwlssrpgnapvyypsvllrgldpwegrgrgt
rspvgwlrqaisasegdvvavggvdaavylvflssvlsilvfsgivllpvllpvaa
tddnlnleraiglkngktpgnftsleklalgnvqehsrrlwafllsvywvsfvtyf
vlwksykhvsnmraaarstpdvkpeefavlvrdvpkpppdqtikdsvdsyfralhp
dtfyrsmvvtdhtkadkiyqeieghkqkiaraevvyaesktgkpegtkpthrigf
lgligkkvdtieycndqikellpk**leaeqkttlrekqqqaaivffnrrsaaasasq**
tlhaqmfdkwtveqapeprqiiwsnpskkiyerqirqvvvytivfltvvfymipit
aisalttleklreklpflkvvvdqpkiktvlqaylp

FIGURA 20

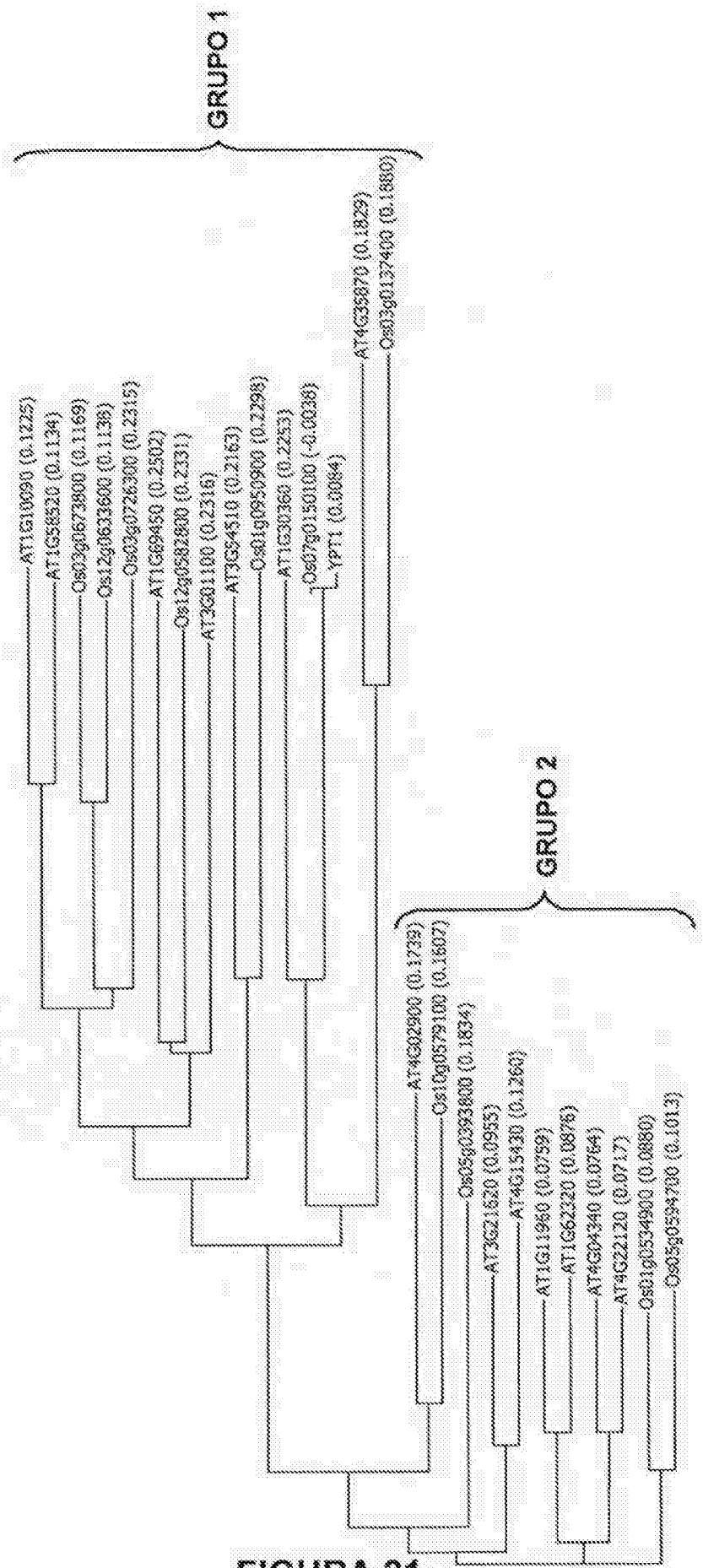

GRUPO 1
AT1G10090 (0.1225)
AT1G58520 (0.1134)
Os03g0672900 (0.1169)
Os12g0633600 (0.1128)
Os03g0726300 (0.2315)
AT1G69450 (0.2502)
Os12g0582800 (0.2331)
AT3G01100 (0.2316)
AT3G54510 (0.2163)
Os01g0950900 (0.1298)
AT1G30360 (0.2253)
Os07g0150100 (-0.0036)
YPT1 (0.0084)
AT4G35870 (0.1829)
Os03g0137400 (0.1880)
GRUPO 2
AT4G02900 (0.1729)
Os10g0579100 (0.1607)
Os03g0393800 (0.1834)
AT3G21620 (0.0953)
AT4G15430 (0.1260)
AT1G11960 (0.0759)
AT1G62220 (0.0876)
AT4G04340 (0.0764)
AT4G22120 (0.0717)
Os01g0534800 (0.0880)
Os05g0534700 (0.1013)

FIGURA 21

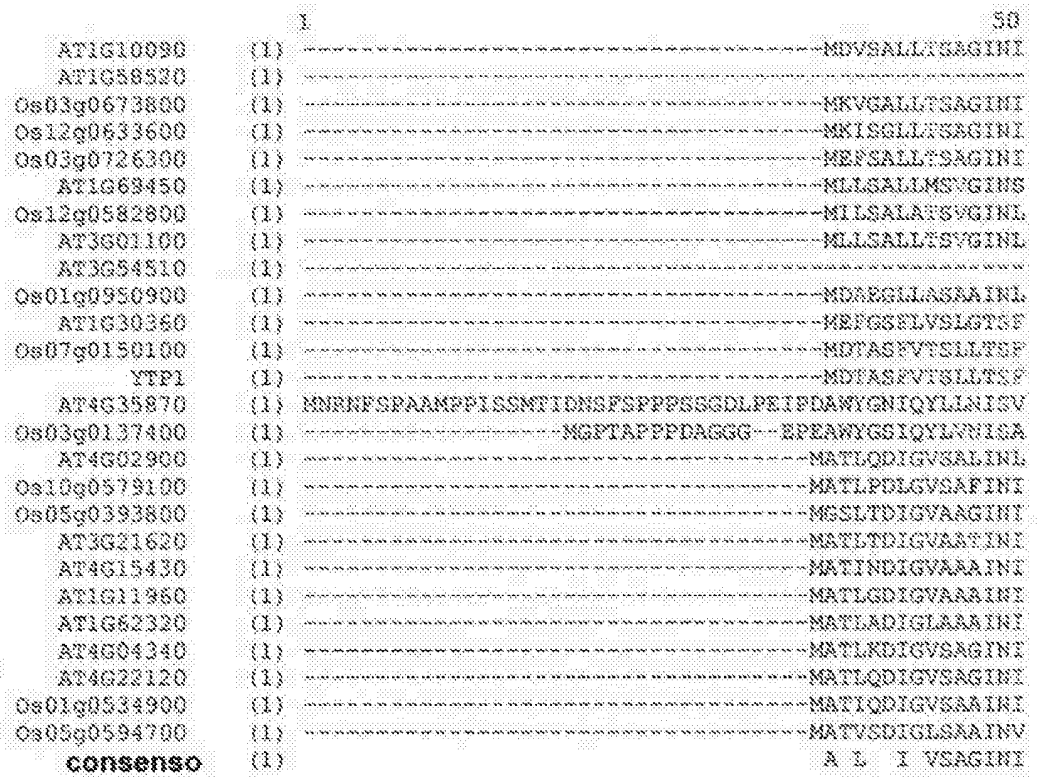

1 50
AT1G10090 (1) ----------MDVSALLTSAGINI
AT1G58520 (1) ----------
Os03g0673800 (1) ----------MKVGALLTSAGINI
Os12g0633600 (1) ----------MKISGLLTSAGINI
Os03g0726300 (1) ----------MEFSALLTSAGINI
AT1G69450 (1) ----------MLLGALLMSVGINS
Os12g0582800 (1) ----------MILSALAFSVGINL
AT3G01100 (1) ----------MLLSALLTSVGINL
AT3G54510 (1) ----------
Os01g0950900 (1) ----------MDARGLLASAAINL
AT1G30360 (1) ----------MRFGSELVSLGTSF
Os07g0150100 (1) ----------MDTASFVTSLLTSF
YTP1 (1) ----------MDTASFVTSLLTSF
AT4G35870 (1) MNRNFSPAAMPPISSMTIDNSFSPPPSSGDLPEIFDAWYGNIQYLLNISV
Os03g0137400 (1) ----------MGPTAPPPDAGGG---EPEAWYGSIQYLVNISA
AT4G02900 (1) ----------MATLQDIGVSALINL
Os10g0579100 (1) ----------MATLPDLGVSAFINI
Os05g0393800 (1) ----------MGSLTDIGVAAGIHI
AT3G21620 (1) ----------MATLTDIGVAATINI
AT4G15430 (1) ----------MATINDIGVAAAINI
AT1G11960 (1) ----------MATLGDIGVAAAINI
AT1G62320 (1) ----------MATLADIGLAAAINI
AT4G04340 (1) ----------MATLKDIGVSAGINI
AT4G22120 (1) ----------MATLQDIGVSAGINI
Os01g0534900 (1) ----------MATIQDIGVSAAIRI
Os05g0594700 (1) ----------MATVSDIGLSAAINV
consenso (1) A L I VSAGINI
51 100
AT1G10090 (15) AICVVLVSLYSIIRKQPANYCVYFGRLLSIGRV----------KRHDPR
AT1G58520 (1) ----------
Os03g0673800 (15) SLCILFLSLYSVLRKQPQNVKVYFGRRIAEENS----------RLREAF
Os12g0633600 (15) ALGVLFISLYSVLRKQPANVEVYFGRRIAEEHN----------RLREAF
Os03g0726300 (15) GLCFLFLSLYSVLRKQPHNYGVYFGRRLAEEKFR----------QQVDYF
AT1G69450 (15) CLCVLLFILYSVLRKQPRNYSVFLPRRLAVGTYK----------RRRN--
Os12g0582800 (15) GLTVLLAAAYTLLRRFPFYVAVYSPR------RP----------
AT3G01100 (15) GLCFLFFTLYSILRKQFSNVTVYGPRLVKKIGEG----------QQSNEF
AT3G54510 (1) ----------
Os01g0950900 (15) GLALVALSLFSLLRKQPGNAPVYLARRMAAGGG----------GGGLPL
AT1G30360 (15) VIFVILMLLFTWLSRKSGNAPIYYPNRILKGLEPWEGTS----------
Os07g0150100 (15) VIFVVLVLVFTWLSSRPGNAPVYYPSVLLRGLDPWEGRGR----------
YTP1 (15) VIFVVLVLVFTWLSSFPGNAPVYYPSVLLRGLDPWEGRGR----------
AT4G35870 (51) IGLLCCVSIFLFVKLPSDHRRMFGFS----------
Os03g0137400 (31) VGAASCVLLFLLVKLRFDHRRIPGPS----------
AT4G02900 (16) FGAFLPLIAFAVLRIQPINDFVYFFKWYLTGERNGPRRSDRTLVGKFVNL
Os10g0579100 (16) LGAFVFLLIFAALRLQPINDRVYFPKLYLTGQRR------HRPHPHGFVNL
Os05g0393800 (16) LGALGFLLAFAVLRIQPINDRVYFFKWYLKGTRSSFR-SMGTVFGKFVNA
AT3G21620 (16) LTAFAFFIAFAILKLQFVNDRVYFFKWYLKGLRGSPI-KTGGFASKFVNL
AT4G15430 (16) VTAFAFLLAFAIFRIQPVNDRVYFFKWYLKGLRSSSI-QTGGFGSKFINL
AT1G11960 (16) LTAIIFLLAFAILRIQPFNDRVYFFKWYLKGIRSSPL-HSGALVSKFVNV
AT1G62320 (16) LSALIFLLLFAILRIQPFNDRVYFFKWYLKGVRSSPV-NSGAFVSKIMNL
AT4G04340 (16) LTAFIFFIIFAFLRLQPFNDRVYFSKWYLRGLRSSPA-SGGGFAGRFVNL
AT4G22120 (16) LGAFVFFIIFAVLRLQPFNDRVYFSKWYLKGLRSSPA-RGGAFAQRFVNL
Os01g0534900 (16) LSAITFLLAFAFLRLQPINDRVYFFKWYLKGARESPS-RGGAFVRKFVNL
Os05g0594700 (16) SMAVAFLLVFAFLRLQPINDRVYFFKWYLRGMRDSPV-SSGAAVQKVVNL
consenso (51) L AVLFLLLFAVLRLQP N RVYFFK LKG

FIGURA 22

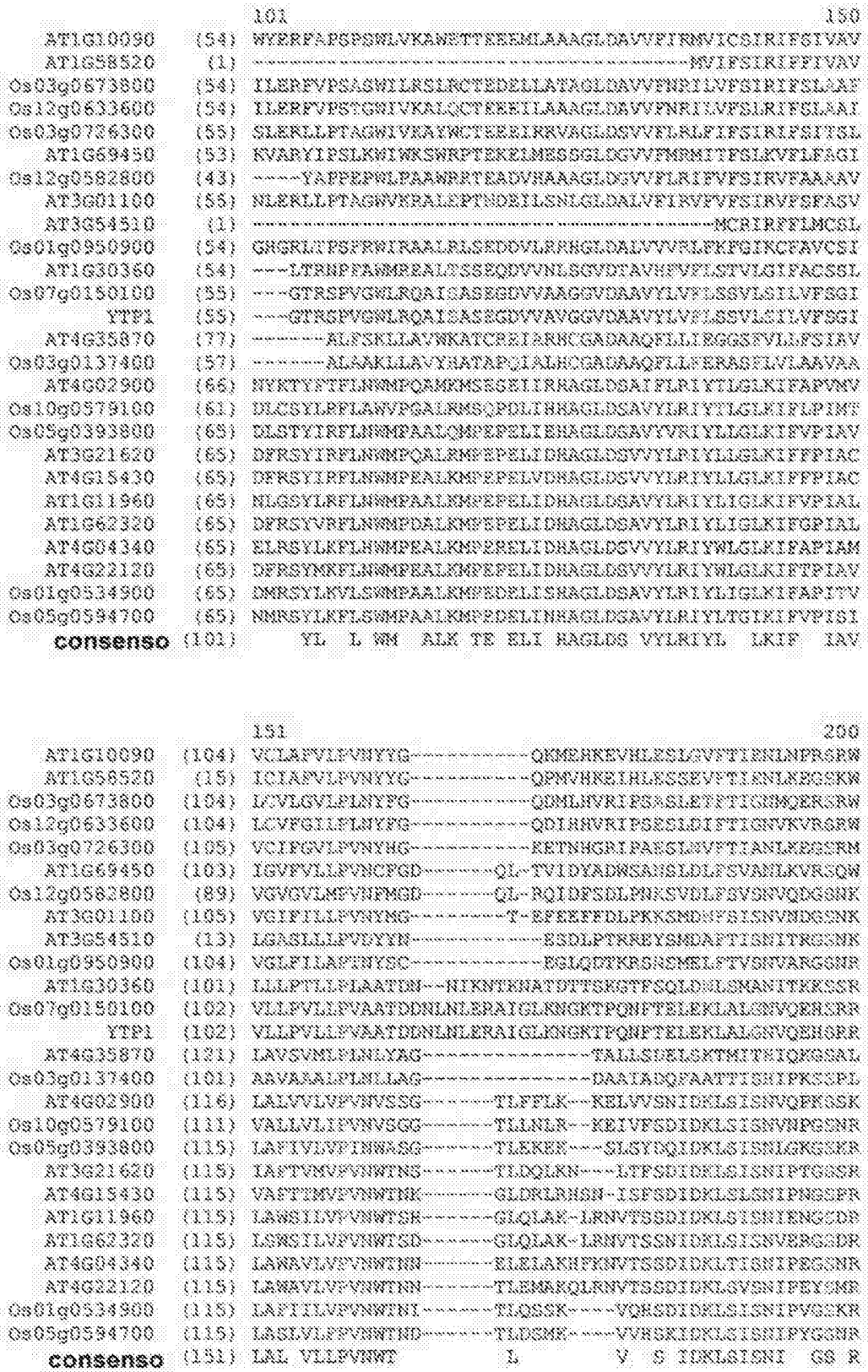


FIGURA 22 cont.

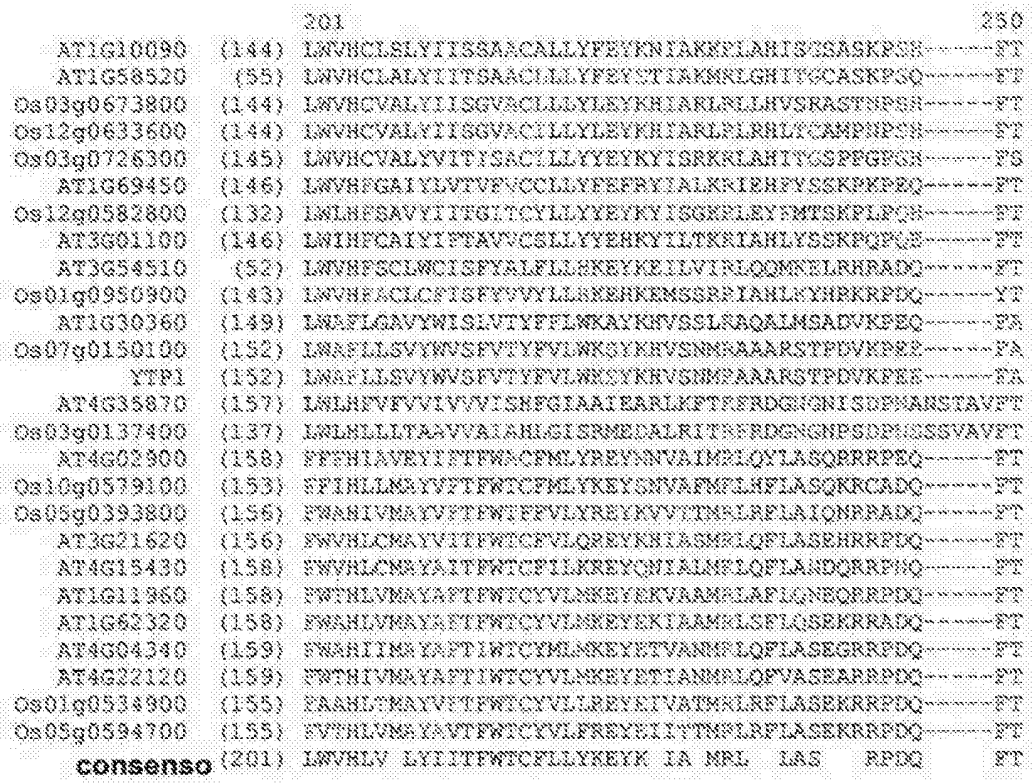


FIGURA 22 cont.

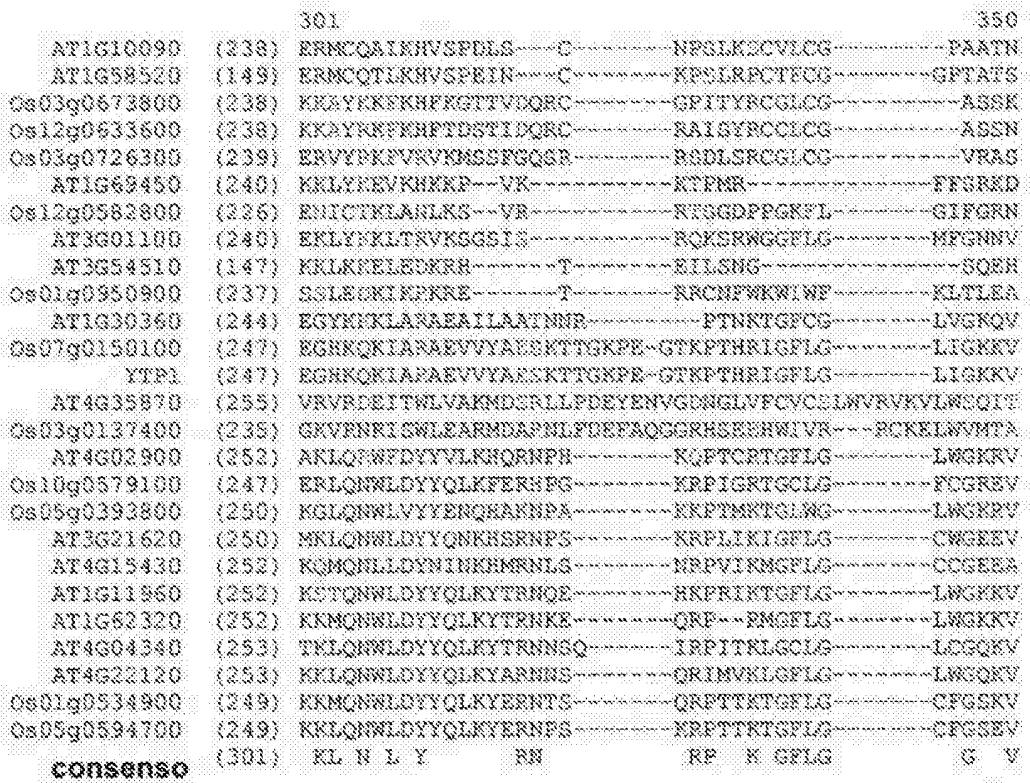


FIGURA 22 cont.

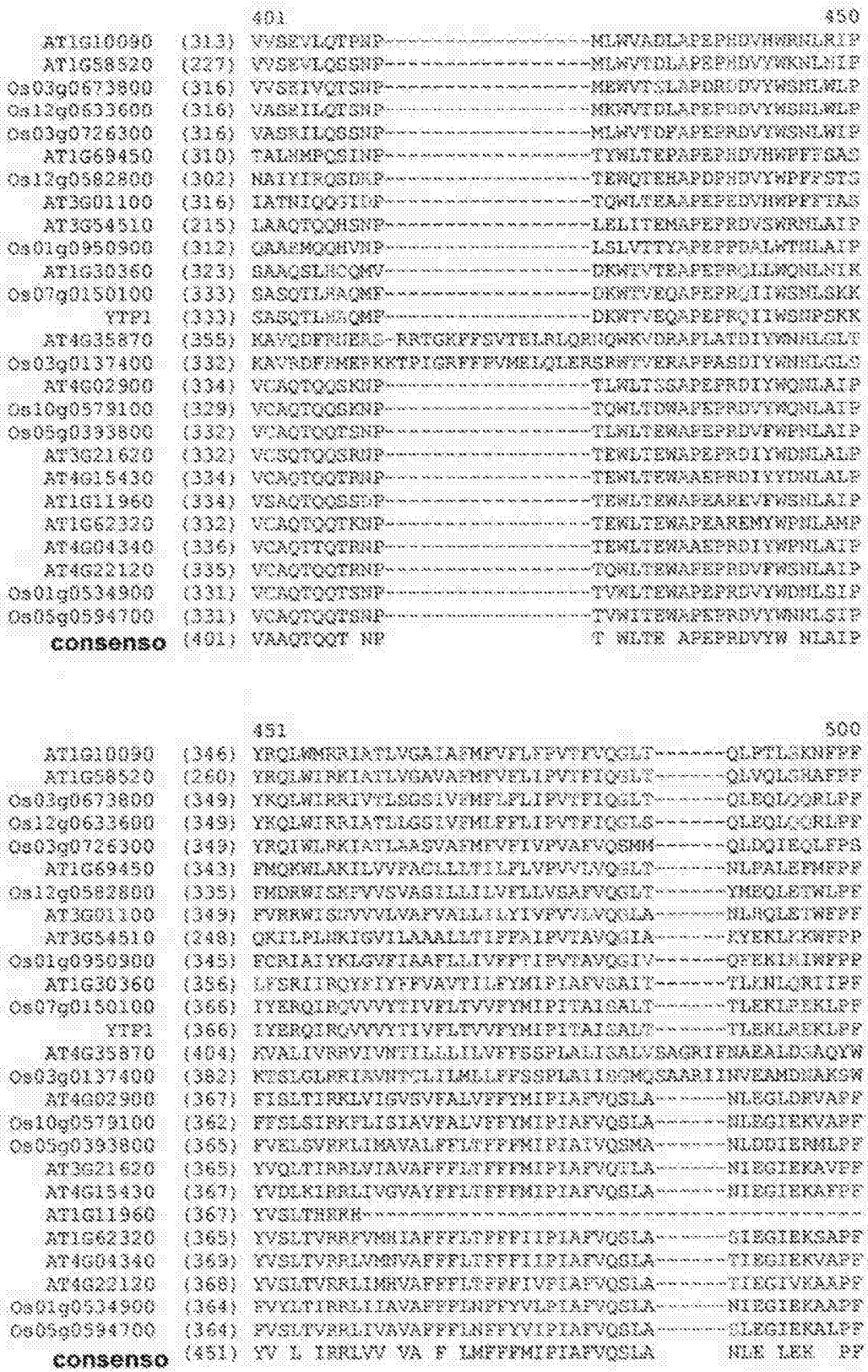
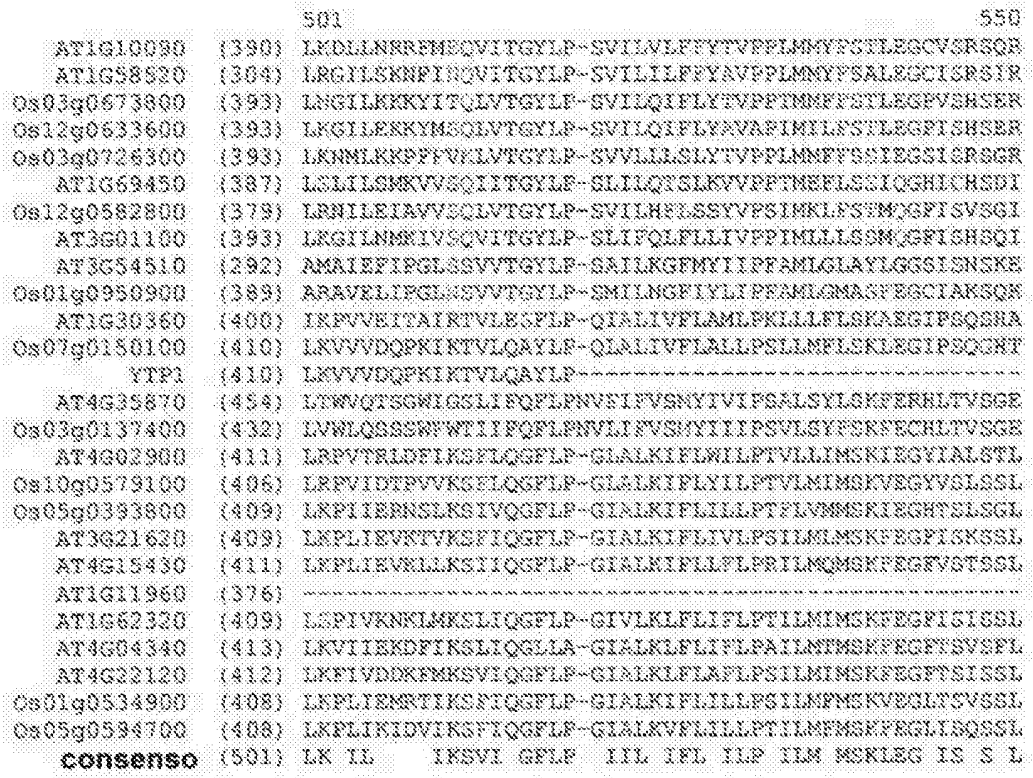


FIGURA 22 cont.



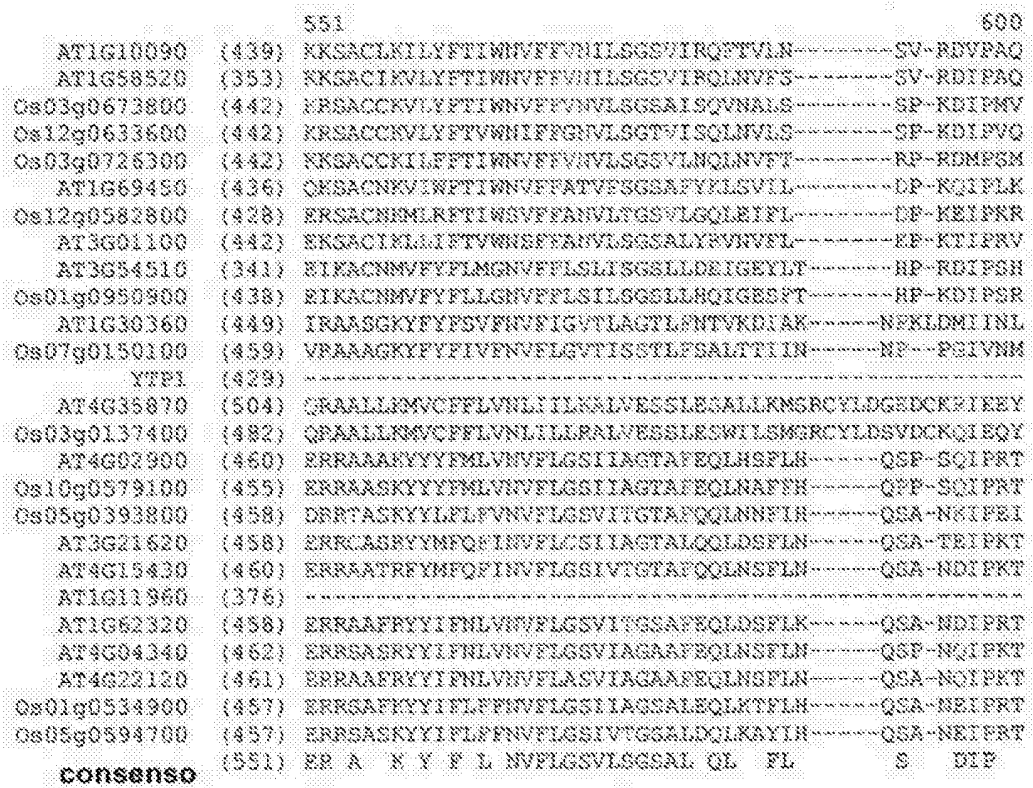
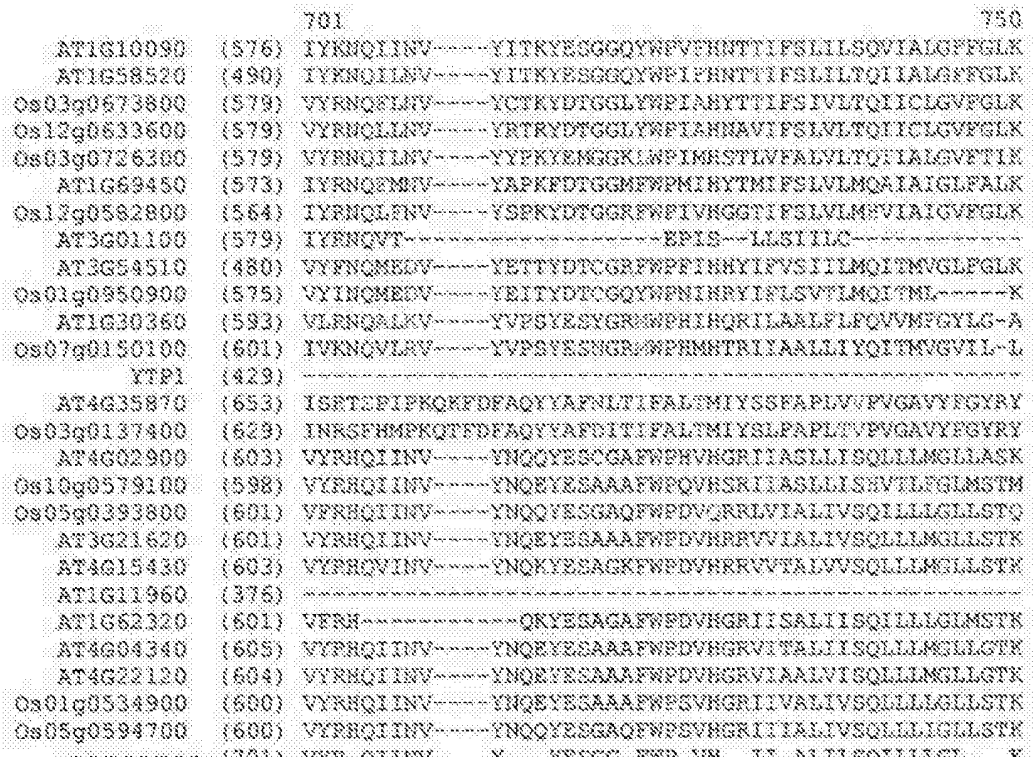


FIGURA 22 cont.

```
                    601                                                 650
   AT1G10090  (481) LAKLVP-AQAGFFMTYCFTSGWAGLACEIMQFVGLIWNLIANVIVKNKEE
   AT1G58520  (395) LARAVP-TQAGFFMTYCFTSGWACLACEIMQFMALIWNLVAKVVTKNSDE
Os03g0673800  (484) LARAVP-VQATFFTTYVLTSGWAGLSSELMQLFGLTWNFIMKYVLRMKED
Os12g0633600  (484) LARAIP-VQATFFITYVLTSGWAGLGSELMQLFGLIWNFVRKYILRMFED
Os03g0726300  (484) LAELVP-KQATFFITYVLTSGWACLCSEILQVYNLVYNFFRKCIFCYRDD
   AT1G69450  (478) LAVAVP-AQASFFIAYVVTTGWTDTLTELFRVVFFMVSYIKRSFEPSDEN
Os12g0582800  (470) LAVVVP-AQASFFITYVVTS-WTGIASELTQTAALLFHLWGSCAKCCKRD
   AT3G01100  (484) LAAAVP-AQASFFVSYVVTSGWTGLSSEILRLVPLLMGFITKLFGKELDK
   AT3G54510  (384) LAAAVS-AQAEFFMTYILTDGLSGFSLEILQLGLILFDIIRSYTYGRSKE
Os01g0950900  (481) LARAVS-AQSDFFITYILTDGMSGFSLEVLQFGLLTWRFFKAHSIGHSEQ
   AT1G30360  (494) LATSLP-KSATFFLTYVALKFFIGYGLELSRIIPLIIFHLKKKYLCKTEA
Os07g0150100  (502) LASSLP-GSATFFLTFVALKFFVGYGLELSRLVPLIIFHLKRKYLCKTED
         YTP1 (429) ----------------------------------------------------
   AT4G35870  (554) MGPSFLSRSCVSALAFLITSTFLGISFDLLAPIPWIKKFIQKFRKNDMLQ
Os03g0137400  (532) LGPSFLGRSSLSGSLAFLITCTFLGISFDLLAPIFWIKHVMRKFRKNDMVQ
   AT4G02900  (504) IGVSIP-MKATFFITYIMVDGWAGIAGEILRLKPLVIFHLKNMFIVKTEE
Os10g0579100  (499) IGVAIP-MKATFFMTYIMVDGWAGIANEILRVKPLVIYHLKNMFIVKTER
Os05g0393800  (502) VGESIP-MKATFFITYVMVDGWAGVAAEVLRLKPLVMFHIKNTFLVRTER
   AT3G21620  (502) IGVSIP-MKATFFITYIMVDGWAGVAGEILRLKPLIIYNLKNFFLVKTEK
   AT4G15430  (504) IGVSIP-MKATFFITYIMVDGWAGVAGEILRLKPLIIYHLKNSFLVRTEK
   AT1G11960  (376) ----------------------------------------------------
   AT1G62320  (502) VGVAIP-IKATFFITYIMVDGWAGVAGEIFRLKPLVIFHLKNFFFVKTEK
   AT4G04340  (506) IGMAIP-MKATFFITYIMVDGWAGVAGEILMLKPLIIYHLKNAFLVKTEK
   AT4G22120  (505) IGVAIP-MKATFFITYIMVDGWAGVAGEILMLKPLIMFHLKNAFLVKTDK
Os01g0534900  (501) IGEAIP-MKATFFITYVMVDGWAGVAGEILRLKPLIIFHLKNFFLVKTEK
Os05g0594700  (501) IGVAIP-MRATFFITYVMVDGWTGVAGEILRLPALIIFHLKNFFLVKTEK
    consenso  (601) LA AIP   ATFFITYVM  GWAGVA EIL L PLII HLK  FL KTE

                    651                                                 700
   AT1G10090  (530) ----SYETLRFPYHTEIPRLLLFGLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFFAYL
   AT1G58520  (444) ----SYETLRFPYHTEIPRLLLFGLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFLAYL
Os03g0673800  (533) ----SYFVPSFPYHTEVPKVLLFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYV
Os12g0633600  (533) ----TEFVPSFPYHTEVPKVLLFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYI
Os03g0726300  (533) ----PEYGYSFPYHTEVPKVLLFNLLGFTFSIMAPLILPFLLVYFCLGYL
   AT1G69450  (527) ----EFVVPFMRYHRDTPRVLFFGLLGITYFFLAPLILPFILLYFILAYI
Os12g0582800  (518) ----EGKPPSMRYHGEIPRVLLFGLLGLTYFIVGPLILPFVLVYFCLGYF
   AT3G01100  (533) ----AFEVPSTFFCQEIPRILFFGLLGITYFFLSPLILPFLLVYYCLGYI
   AT3G54510  (433) R---TFYLFSTFYFFVIPTVSLSIMIGMIYAVVAPLMLPFLVGYFCLGYI
Os01g0950900  (530) ------PYLYGFPYIRVVFIVSLAVLIGLVYAVVAPLLLPILVIYFLLGYA
   AT1G30360  (543) EVKEAWYPGDLSYATRVPGDMLILTITFCYSVIAPLILIPGITYFGLGWL
Os07g0150100  (551) EVRAAWAPGDLGYNTRVPSDMLIVTIVLCYSVIAPLIIPFGVAYFALGWI
         YTP1 (429) ----------------------------------------------------
   AT4G35870  (604) LVPSQNEEYALENQ-EPESNLETPLLFENMPESPRPGDIEPMSQDLSEYP
Os03g0137400  (582) LVPEENEDYQLMKDGEETNNLRAPLMSERERDGGILNG---IEERDLGLYP
   AT4G02900  (553) DRVRAMDPGFVDFKSTIPSLQLYFLLGIVYTAVTPILLPFILIFFAFAYL
Os10g0579100  (548) DRERAMDPGSIGLARNLPSLQLYFLLGLVYAVVTPILLPFIIIFFAFAFL
Os05g0393800  (551) DREQAMDPGGLDFGTTEPRIQLYFLLGLVYAVVSPILLPFIIVFFSLAYL
   AT3G21620  (551) DRERAMDPGTIGPNTGEPQIQLYFLLGLVYAAVSPILLPFILVFFALAYV
   AT4G15430  (553) DREEATDPGTIGPNTGEPQIQLYFLLGLVYAAVSPILLPFILVFFGLAFV
   AT1G11960  (376) ----------------------------------------------------
   AT1G62320  (551) DRERAMDPGQIDFYATEPRIQLYFLLGLVYAPVTPVLLPFIIFFFGFAYL
   AT4G04340  (555) DRERAMDPGSIGFNTGEPQIQLYFLLGLVYAPVTPMLLPFILVFFALAYV
   AT4G22120  (554) DRERAMDPGSIGPNTGEPRIQLYFLLGLVYAPVTPMLLPFILVFFALAYI
Os01g0534900  (550) DRERAMDPGSIGFDSNEPQIQLYFLLGLVYAVVTPFLLPFILIFFGLAYV
Os05g0594700  (550) DREEAMDPGSICFDWCEPRIQLYFLLGLVYAVVTPLLLPFILVFFGLAYV
    consenso  (651)     A DP SI Y T IP I LY LLGL YAVVAPLLLPFILVIF LAYL
```

FIGURA 22 cont.



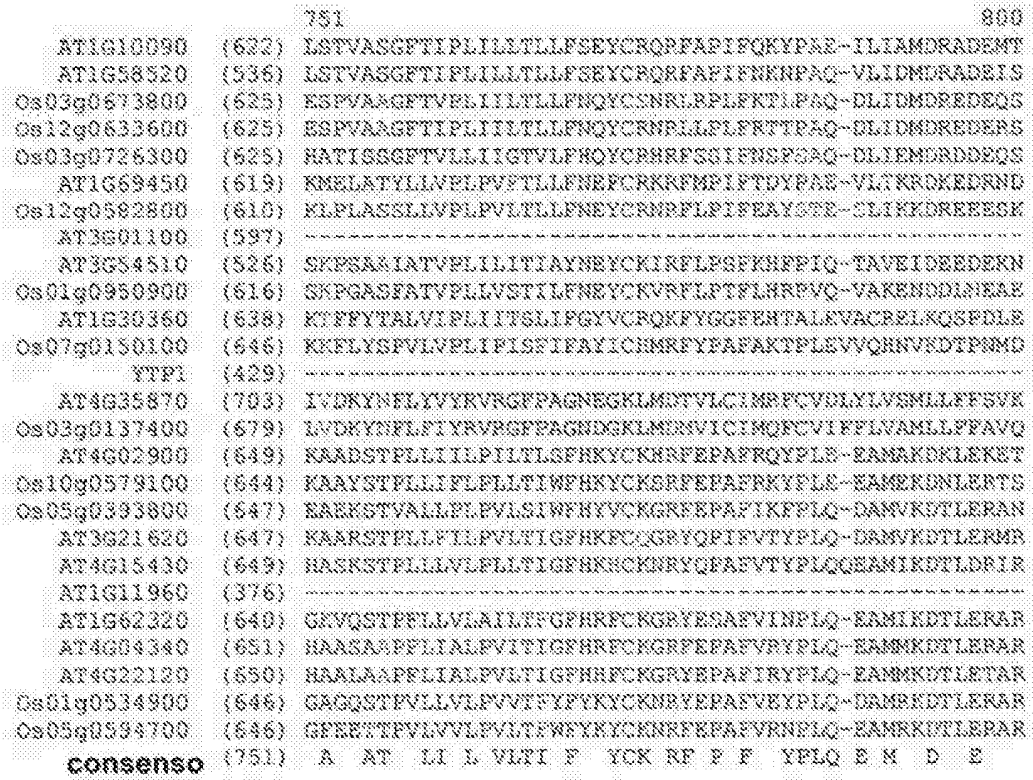


FIGURA 22 cont.

```
                          801                                                850
   AT1G10090  (671) GKMEELHNNLKVAYSQIPTCSEESS-KA-------GCT--SPCSDQELPDS
   AT1G58520  (585) GKMEELHKKLHNVYSQIPLHSQKSSSKA-------ECS--NPFKKQELPDP
Os03g0673800  (674) GRMDDIHHRLHSAYCQFADTDDIFLKGV-------HVD--RDADASGSSGE
Os12g0633600  (674) GRMDEIHHRLHSAYCQFHDTEDIPLEKI-------QTV--GSDEEQGCSSD
Os03g0726300  (674) GPMEEIHKHLLDAYSQGTTNMDN-SSSS-------RNG--GAPIEMIMEDP
   AT1G69450  (668) PTMPEFYNNLVSAYKDPALLPLRFSGSG-------SRN--DSLTSPLLSPS
Os12g0582800  (659) PEMAEFFSNLVNAYCDPAMEPIQHS----------SNS--DERTTPLLS--
   AT3G01100  (597) ----------------------------------------------------
   AT3G54510  (575) GEMETHYVDAATAYNRHQPCLERVSSAE-------SPT--NLSQPLLGTDS
Os01g0950900  (665) G-----MRGDLDHAISAYKPPWMRPTNFS-------PDC--SSVQPLIRSV-
   AT1G30360  (688) EIFRAYIPHSLSSHKPEEHEFRGAMSRYQDFNAIAGV----------------
Os07g0150100  (696) AVYTSYIPACLKPEKLEDVDIFEDAQLNTTSPAPSI----------------
         YTP1  (429) ----------------------------------------------------
   AT4G35870  (753) GDSTKLQAIFTLGVLVMYKLLPSDTDRYHPALLRSIQTVDGIIDGPVDYE
Os03g0137400  (729) GDPMKLQAICTLGLLVFYKLLPSRSDRFQPSLLEGMQTVNSFVDGPTDYE
   AT4G02900  (698) EPELNMKADLADAYLHPIFHSFEKEVELSSSSSSERETHQEETPEVRVDK
Os10g0579100  (693) EPNLNLKSYLQNAYLHPIFHMFEQQQQQ-------EQEQQREEKVEVRIDK
Os05g0393800  (696) DPTLNLREYLKDAYVHPVFQKNDIVEFAG-----IDEE---ERNPMVATKR
   AT3G21620  (696) EPNLNLKTFLQNAYAHPVFKAADNLANEM-----VVEEPAPDKTPDLVATK
   AT4G15430  (699) EPNLNLKAFLRDAYAHPEFRVGEDPEPEE-----KLES---DMSPPDLVATK
   AT1G11960  (376) ----------------------------------------------------
   AT1G62320  (699) EPNLNLKGFLQNAYVHPVFKDEEDSDEEQ-----LIEDSDDEDCVVVQTKR
   AT4G04340  (700) EPNLNLKGYLQDAYIHPVFKGGDNDDDG-------DMIGKLENEVIIVPTKR
   AT4G22120  (699) EPNLNLKGYLQNAYVHPVFKGDEDDYDID-----DKLGKFEDEAIIVPTKR
Os01g0534900  (695) EPGFDLKGYLMNAYIHPVFK-GDEDDENF-----SISDEFEAEQVLVATKR
Os05g0594700  (695) EPTFDLKAYLANAYLHPVFK-GREEEDNM-----SISEDVGMEEVIVPTKR
    consenso  (801)      L   L  AY                                 V

                          851                                                900
   AT1G10090  (712) EELKPEKENLKADYIWEPQRSK----SGLDLEVKSCPSASPIRNSPGFAEI
   AT1G58520  (627) EKLKPEEGDAIAKELWGPQGNE----SGQEHDTKS----------------
Os03g0673800  (716) SSCKEDTNQPTTSDISHPTLEGLPVNRLRHAVRGLSSIIRLQKRGLSPQP
Os12g0633600  (716) KSNGKESFEEPRAELSHPTLNGLPVSNLRHAVKSITFLVRLQKRGLSE--
Os03g0726300  (715) AQDAQDSNQE-------------------LCDAVKEVTGSIQEHADEN-----
   AT1G69450  (710) EV--------------------------------------------------
Os12g0582800  (696) ----------------------------------------------------
   AT3G01100  (597) ----------------------------------------------------
   AT3G54510  (617) I---------------------------------------------------
Os01g0950900  (702) ----------------------------------------------------
   AT1G30360  (725) ----------------------------------------------------
Os07g0150100  (732) ----------------------------------------------------
         YTP1  (429) ----------------------------------------------------
   AT4G35870  (803) AYSHPNFDWDTYNNR-------------------------------------
Os03g0137400  (779) VFSQPDLDWSLYQS----------------------------------------
   AT4G02900  (748) HETQSSSPVTELGTSS----------NNNNVYNSTSPSSNVASAYEQSSS
Os10g0579100  (737) AQQNHHRQVEEEEEESKSSQATTHYYHHNHEQTTTTTHHAYHQHEHMSHY
Os05g0393800  (739) Q-SRMNTFVDSKFNSS--------------------SGTNEGEFSRMAPT---
   AT3G21620  (742) RGSRRFNSGSAETFT-----------------------------------------
   AT4G15430  (743) RWSWRNTPLPSNDSCR----------------------EIP--------------
   AT1G11960  (376) ----------------------------------------------------
   AT1G62320  (735) QRGRPTTVASSNASRG----------------------SSQSTPFNQLDLGKGK
   AT4G04340  (745) Q-SRRNTPAPSRISGE----------------------SSPSLAVINGKEV----
   AT4G22120  (745) Q-SRRNTPAPSIISGD----------------------DSPSLPFS-GKLV----
Os01g0534900  (740) Q-SRRNTPVPSKYNGS----------------------EGPSLAEIVNDQRL---
Os05g0594700  (740) Q-SRRNTPAQSKYEGS----------------------DTLSLPETVHER-----
    consenso  (851)
```

FIGURA 22 cont.

```
                          901                 924
   AT1G10090  (759) YKRT--------------------
   AT1G58520  (658) ------------------------
Os03g0673800  (766) AGPSADVNPQTA------------
Os12g0633600  (764) ------------------------
Os03g0726300  (744) ------------------------
   AT1G69450  (712) ------------------------
Os12g0582800  (696) ------------------------
   AT3G01100  (597) ------------------------
   AT3G54510  (618) ------------------------
Os01g0950900  (702) ------------------------
   AT1G30360  (725) ------------------------
Os07g0150100  (732) ------------------------
         YTP1  (429) ------------------------
   AT4G35870  (818) ------------------------
Os03g0137400  (793) ------------------------
   AT4G02900  (788) QYEYRYNTHQYEEHEYRYN------
Os10g0579100  (787) HMGPSDTADSPSPFHPVYRYGVDP
Os05g0393800  (768) ------------------------
   AT3G21620  (757) ------------------------
   AT4G15430  (762) ------------------------
   AT1G11960  (376) ------------------------
   AT1G62320  (767) PET---------------------
   AT4G04340  (773) ------------------------
   AT4G22120  (772) ------------------------
Os01g0534900  (769) ------------------------
Os05g0594700  (767) ------------------------
     consenso (901)
```

FIGURE 3 (continued)

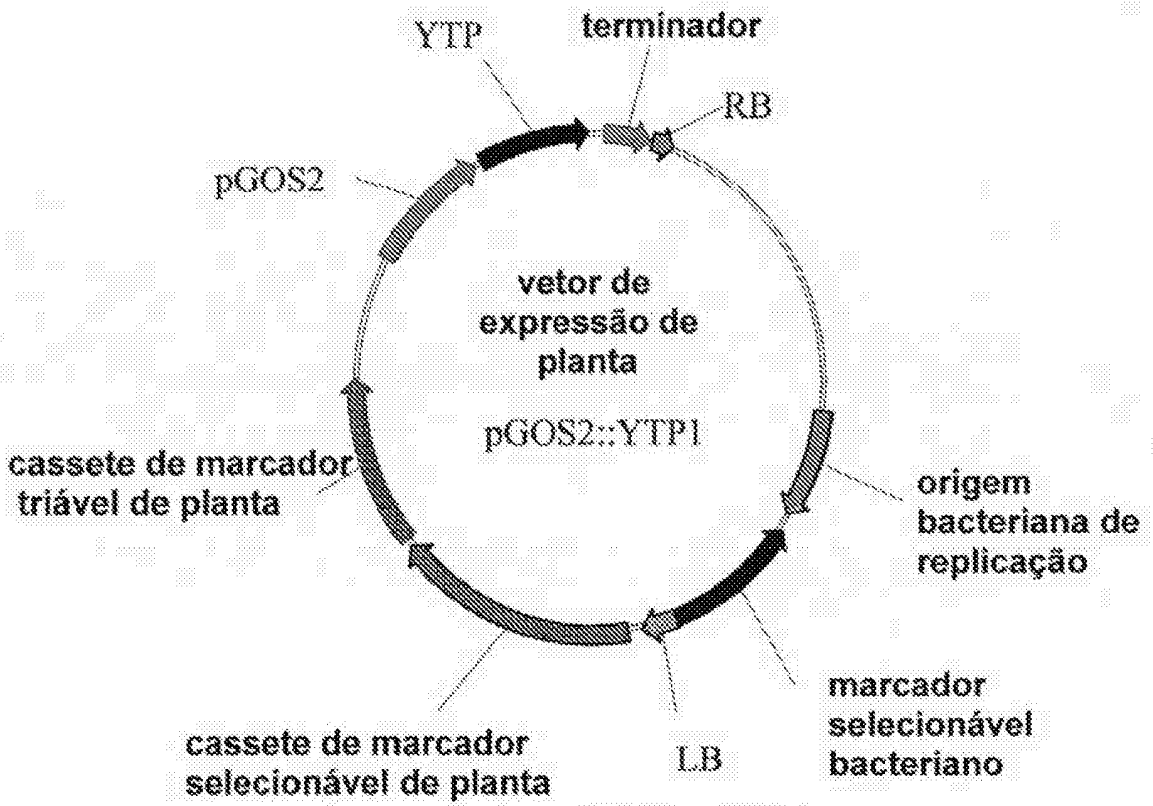


FIGURA 23

SEQ ID NO: 408, DNA - Oryza sativa

ATGGACACCGCGTCGTTCGTGACGTCGCTGCTGACGTCGTTCGTGATCTTCGTCGTGCTGGTGCTG
GTGTTCACGTGGCTGTCGAGCAGGCCGGGCAATGCGCCGGTGTACTACCCGAGCGTCCTGCTGCGG
GGGCTCGACCCGTGGGAGGGGCGGGGGCGGGGGACGAGGAGCCCCGTCGGGTGGCTGCGCCAGGCG
ATCTCCGCCTCGGAGGGTGACGTCGTCGCCGTCGGCGGGGTCGACGCCGCCGTCTACCTCGTCTTC
CTCTCCTCCGTGTTGTCCATCTTGGTGTTCTCTGGGATTGTGCTGCTTCCAGTTCTGCTACCTGTT
GCTGCTACTGACGATAACCTGAACCTGGAGAGGGCCATTGGCCTGAAGAACGGCAAAACACCCCAG
AACTTCACAGAGCTCGAGAAATTAGCACTGGGCAATGTTCAAGAACATAGCCGAAGGCTGTGGGCA
TTTCTATTATCAGTCTATTGGGTCTCTTTTGTCACGTACTTCGTACTATGGAAGTCCTACAAGCAT
GTTTCTAATATGAGAGCGGCTGCAAGATCAACACCAGATGTTAAACCGGAGGAGTTTGCTGTGTTG
GTGAGAGATGTTCCTAAGCCACCTCCTGATCAAACTATAAAGGATTCTGTAGACTCATATTTCCGA
GCACTTCATCCTGATACCTTCTACAGATCAATGGTTGTGACTGACCACACAAAGGCTGACAAAATT
TATCAAGAGATTGAAGGTCACAAACAGAAAATTGCTCGTGCTGAAGTTGTCTATGCGGAGTCTAAA
ACAACAGGCAAGCCTGAGGGCACCAAGCCTACGCATCGGATTGGATTTCTTGGTCTTATCGGTAAA
AAGGTTGATACAATTGAGTATTGTAATGACCAAATCAAGGAGTTGCTGCCCAAACTGGAGGCCGAA
CAGAAGACTACCCTTCGTGAGAAACAGCAACAGGCTGCAATTGTGTTTTTCAACAGAAGATCTGCT
GCAGCTTCTGCATCTCAGACTCTCCATGCTCAGATGTTTGATAAATGGACTGTTGAGCAGGCTCCT
GAACCACGCCAGATAATATGGTCTAATCCTTCCAAGAAAATATATGAGAGGCAAATCAGACAGGTT
GTGGTCTATACCATTGTCTTTCTCACAGTGGTTTTCTATATGATTCCTATTACTGCTATCTCTGCT
CTTACAACTTTGGAGAAGTTGAGGGAGAAGCTTCCCTTTCTGAAGGTGGTGGTGGACCAACCGAAA
ATCAAGACTGTCCTACAGGCTTACCTCCCGTAG

SEQ ID NO: 409, proteína - Oryza sativa

MDTASFVTSLLTSFVIFVVLVLVFTWLSSRPGNAPVYYFSVLLRGLDPWEGRGRGTRSPVGWLRQA
ISASEGDVVAVGGVDAAVYLVFLSSVLSILVFSGIVLLPVLLPVAATDDNLNLERAIGLKNGKTPQ
NFTELEKLALGNVQEHSRRLWAFLLSVYWVSFVTYFVLWKSYKHVSNMRAAARSTPDVKPEEFAVL
VRDVPKPPPDQTIKDSVDSYFRALHPDTFYRSMVVTDHTKADKIYQEIEGHKQKIARAEVVYAESK
TTGKPEGTKPTHRIGFLGLIGKKVDTIEYCNDQIKELLPKLEAEQKTTLREKQQQAAIVFFNRRSA
AASASQTLHAQMFDKWTVEQAPEPRQIIWSNPSKKIYERQIRQVVVYTIVFLTVVFYMIPITAISA
LTTLEKLREKLPFLKVVVDQPKIKTVLQAYLP

SEQ ID NO: 410, DNA - Oryza sativa

ATGGCTACTATTCAAGATATAGGTGTCTCTGCAGCTATCAACATACTGAGTGCCATCACTTTCCTG
CTAGCGTTTGCTTTCCTGCGACTACAGCCCATCAACGATAGGGTTTACTTCCCAAAGTGGTATCTC
AAAGGTGCAAGAGAGAGTCCAAGTCATGGGGGTGCATTTGTGCGGAAGTTTGTCAATTTGGACATG
CGATCATACTTGAAGGTCTTAAGTTGGATGCCTGCTGCTCTCAAAATGCCAGAGGATGAGTTAATT
AGCCATGCAGGCCTTGATTCAGCTGTCTATCTGCGGATCTACTTAATAGGGCTTAAAATATTTGCT
CCAATCACAGTTCTAGCATTTATTATTCTTGTGCCTGTTAATTGGACCAATATTACCCTTCAAAGC
TCGAAGGTGCAGCACAGTGATATTGACAAACTTTCAATATCCAACATACCTGTAGGGTCAAAGAGG
TTCGCAGCTCACCTGACCATGGCTTATGTTTTCACATTTTGGACATGCTATGTGCTGTTACGGGAG
TATGAAATAGTGGCAACAATGCGTCTGCGCTTTCTTGCATCAGAGAAGCGCCGCCCAGATCAGTTC
ACGGTCCTTGTGCGGAATATACCGCCTGATCCTGATGAATCAATTGGTGAGCTTGTGGAACATTTC
TTCCTTGTAAACCATCCTGACCATTATCTTACGCACCAGGTTGTCTATAATGCAAATAAGCTTGAT
AAGATGGTCAAAGAGAAGAAGAAAATGCAGAATTGGCTTGATTACTATCAGCTGAAATATGAAAGA
AATACATCTCAAAGGCCTACTACAAAGACTGGTTTTCTTGGATGTTTTGGTTCAAAGGTGGATGCT
ATTGAATACTACACATCTGAAATTGAGAGGATAGAAAAGGAAGAAACTGATGAACGTGGAAAGATT
ATGAAGGATCCAAAATCAGTTGTGCCAGCAGCCTTTGTTTCCTTCCGATCGCGGTGGGGAGCAGCA
GTGTGTGCTCAGACACAGCAAACCAGTAATCCAACTGTCTGGTTGACCGAGTGGGCCCCAGAACCT

FIGURA 24

CGTGATGTCTATTGGGATAACCTCTCTATTCCTTTTGTTTACCTGACAATTAGGAGGCTGATAATT
GCGGTTGCATTCTTCTTCCTGAACTTCTTTTATGTGCTCCCGATTGCATTTGTTCAGTCCCTTGCA
AATATTGAAGGGATTGAGAAGGCAGCTCCATTTCTGAAGCCTTTGATTGAAATGCGTACTATTAAA
TCATTCATCCAAGGATTTCTGCCAGGAATTGCTCTGAAGATTTTCCTTATATTGCTCCCTAGCATA
TTAATGTTTATGTCTAAAGTTGAAGGATTGACATCGGTGTCCTCACTGGAGAGGAGATCTGCTTTT
AAGTACTATATCTTCTTGTTCTTTAATGTATTCTTGGGAAGCATTATTGCAGGATCTGCTTTAGAG
CAGCTCAAAACATTTCTTCACCAATCAGCAAATGAAATACCAAGGACAATTGGTGAAGCAATTCCA
ATGAAAGCAACCTTTTTTATAACATATGTAATGGTTGATGGTTGGGCTGGGGTAGCTGGTGAAATT
TTAAGATTGAAACCATTGATAATCTTCCACTTGAAAAACTTTTTCTTGGTCAAGACTGAGAAAGAC
AGAGAAGAAGCAATGGACCCTGGAAGCATTGGTTTTGACTCAAATGAGCCTCAAATACAGCTCTAT
TTCTTGCTCGGACTTGTCTATGCTGTGGTGACACCATTTTGCTTCCTTTCATATTAATATTCTTT
GGGTTAGCATATGTGGTATACCGTCACCAGATAATAAATGTGTACAACCAAGAATATGAAAGTGCA
GCAGCATTTTGGCCAAGTGTTCATGGACGCATAATTGTAGCATTAATCGTATCACAGCTGCTTCTC
CTTGGATTACTAAGCACAAAAGGTGCTGGCCAGTCAACACCGGTGCTCCTTGTTCTCCCTGTTGTA
ACCTTTTATTTCTATAAATACTGCAAGAATCGCTATGAGCCTGCTTTTGTGGAATATCCATTACAG
GATGCAATGCGGAAGGATACCCTAGAACGCGCAAGAGAGCCAGGGTTCGACCTCAAAGGATACCTG
ATGAATGCCTACATCCACCCGGTGTTCAAAGGCGACGAGGACGACGAGAAGTTCTCCATCTCCGAC
GAACCAGAGGCGGAGCAGGTTCTCGTGGCGACAAAGCGCCAGTCCAGACGGAACACCCCAGTTCCG
AGTAAATACAATGGCTCTGAATCACCTTCCCTTGCTGAAATTGTAAATGATCAACGGCTATAA

SEQ ID NO: 411, proteína - Oryza sativa

MATIQDIGVSAAINILSAITFLLAFAFLRLQPINDRVYFFKWYLKGARESFSHGGAFVRKFVNLDM
RSYLKVLSWMPAALKMPEDELISHAGLDSAVYLRIYLIGLKIFAPITVLAFIILVFVNWTNITLQS
SKVQHSDIDKLSISNIPVGSKRFAAHLTMAYVPTFWTCYVLLREYEIVATMRLRFLASEKRRPDQF
TVLVRNIPPDPDESIGELVEHFFLVNHPDHYLTHQVVYNANKLDKMVKEKKKMQNWLDYYQLKYER
NTSQRPTTKTGFLGCFGSKVDAIEYYTSEIERIEKEETDERGKIMKDFKSVVPAAFVSFRSRWGAA
VCAQTQQTSNPTVWLTEWAPEPRDVYWDNLSIPFVYLTIRRLIIAVAFFFLNFFYVLPIAFVQSLA
NIEGIEKAAPFLKPLIEMRTIKSFIQGFLPGIALKIFLILLPSILMFMSKVEGLTSVSSLERRSAF
KYYIFLFFNVFLGSIIAGSALEQLKTFLHQSANEIPRTIGEAIPMKATFFITYVMVDGWAGVAGEI
LRLKFLIIFHLKNFFLVKTEKDREEAMDFGSIGFDSNEPQIQLYFLLGLVYAVVTPFLLPFILIFF
GLAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPSVHGRIIVALIVSQLLLLGLLSTKGAGQSTPVLLVLFVV
TFYFYKYCKNRYEPAFVEYPLQDAMRKDTLERAREPGFDLKGYLMNAYIHPVFKGDEDDEKFSISD
EPEAEQVLVATKRQSRRNTPVPSKYNGSESPSLAEIVNDQRL

SEQ ID NO: 412, DNA - Oryza sativa

ATGGACGCGGAGGGGTTGCTGGCGTCGGCGGCGATCAACCTGGGCCTGGCGCTGGTGGCGCTCTCG
CTCTTCTCCTTGCTCAAGAAGCAGCCCGGCAACGCGCCGGTGTACCTTGCGCGGCGGATGGCCGCC
GGTGGCGGTGGGGGCGGGCTGCCGCTCGGCCACGGGCGGTTGACCCCGTCGTTCCGGTGGATCCGC
GCCGCGCTCCGGCTCTCCGAGGACGACGTGCTGCGGCGCCACGGCCTCGACGCGCTCGTCGTCGTC
CGCCTCTTCAAATTCGGGATCAAGTGCTTCGCTGTTTGCTCAATCGTTGGATTGTTCATCCTTGCA
CCAACAAATTATTCCTGTGAAGGTCTACAAGACACCAAAAGGTCAAATTCAATGGAACTTTTCACG
GTATCCAATGTGGCAAGGGGTTCTAACAGGCTTTGGGTGCATTTTGCATGCCTCTGCTTCATATCA
TTCTATGTGGTGTATTTGCTTCATAAGGAGCACAAAGAAATGTCCAGCAGAAGAATTGCACATTTG
AAGTATCACAGGAAACGGCCTGACCAATATACCATTTTAGTTCGAGGAATTCCACTATGCCCAGAT
CATGGAACTTATGGGTGTTATGCTGACCACTTCTTCTCAAAGCACTACCGAACATACCAATCGTAT
CACATAGTACACCGACATTGGAAACATCAAGGCACTTCAGAAGTTGGCATCCTCCCTTGAGGACAAG
ATAAAGAGGAAAAGAGAAACCAGAAGATGTAACTTTTGGAAGTGGATCTGGTTTAAGTTGACATTA
GAAGCGATAGATACTCGCAAACTGGAAGAAAAACTGAAGAACGTCCATCACTCTATCCGCCTCCTA

FIGURA 24 cont.

CAGTGTGAAAATATGCTTAAACGGAAGGAATTACCGGTTGCTTTTGTCTCATTCAAATCACAGCTG
GATGCTGCCCAAGCTGCCGAAATGCAACAGCATGTCAATCCTCTGTCCTTGGTGACAACATATGCT
CCTGAACCACCTGATGCACTATGGACAAATCTGGCTATTCCTTTCTGCCGTATTGCTATATACAAA
CTTGGTGTCTTCATTGCTGCGTTTCTGCTAATAGTGTTCTTCACCATCCCTGTCACAGCTGTGCAA
GGGATAGTACAATTTGAGAAAATTAAAATATGGTTTCCACCGGCTAGAGCTGTGGAACTTATACCA
GGTTTGAATTCTGTCGTAACTGGGTATCTTCCAAGCATGATCTTGAATGGCTTTATCTACTTGATT
CCCTTCGCGATGCTTGGCATGGCATCATTTGAGGGATGCATTGCAAAAAGTCAGAAGGAAATCAAG
GCCTGCAACATGGTATTTTACTTCTTGTTAGGGAATGTTTTCTTTTTGAGCATTCTTTCTGGTTCT
CTACTCCACCAGATAGGAGAATCCTTTACACATCCAAAAGACATACCTAGCCGTCTGGCCCGTGCT
GTTTCTGCACAGTCAGATTTCTTCATCACATACATTTTGACCGACGGCATGTCAGGGTTTTCCTTG
GAGGTTCTTCAGTTTGGTTTGCTTACATGGCATTTCTTCAAGGCACATTCAATTGGACATAGTGAG
CAGCCATATCTTTATGGCTTCCCTTACTACAGAGTTGTGCCCATCGTTTCCCTTGCAGTATTGATT
GGGTTGGTCTATGCTGTTGTTGCGCCTCTTCTACTTCCAATTCTTGTTATCTACTTTTTGCTTGGT
TACGCAGTGTACATCAACCAGATGGAAGATGTATATGAGATTACATATGATACTTGTGGACAATAT
TGGCCCAATATTCATCGCTACATCTTCCTTTCGGTCACACTCATGCAAATTACAATGCTGAAGTCG
AAACCGGGGGCTTCATTCGCCACGGTTCCCTTGCTTGTGTCAACCATTTTGTTCAATGAGTACTGC
AAGGTTCGGTTTCTTCCAACTTTCCTTCATCGACCGGTTCAGGTTGCCAAGGAGAATGACGACCTT
AATGAAGCTGAGGGGATGAGAGGTGACCTGGACCATGCCATTAGCGCCTATAAGCCACCATGGATG
CGCCCGACGAACTTCTCTCCAGATTGTAGTTCGGTACAACCTTTGATCCGTTCTGTATAG

SEQ ID NO: 413, proteína - Oryza sativa

MDAEGLLASAAINLGLALVALSLFSLLKKQPGNAPVYLARRMAAGGGGGLPLGHGRLTPSFRWIR
AALRLSEDDVLRRHGLDALVVVRLFKFGIKCFAVCSIVGLFILAPTNYSCEGLQDTKRSNSMELFT
VSNVARGSNRLWVHFACLCFISFYVVYLLHKEHKEMSSRRIAHLKYHRKRPDQYTILVRGIPLCPD
HGTYGCYADHFFSKHYRTYQSYHIVHDIGNIKALQKLASSLEDKIKRKRETRRCNFWKWIWFKLTL
EAIDTRKLEEKLKNVHHSIRLLQCENMLKRKELPVAFVSFKSQLDAAQAAEMQQHVNPLSLVTTYA
PEPPDALWTNLAIPFCRIAIYKLGVFIAAFLLIVFFTIPVTAVQGIVQFEKIKIWFPPARAVELIP
GLNSVVTGYLFSMILNGFIYLIPFAMLGMASFEGCIAKSQKEIKACNMVFYFLLGNVFFLSILSGS
LLHQIGESFTHPKDIPSRLARAVSAQSDFFITYILTDGMSGFSLEVLQFGLLTWHFFKAHSIGHSE
QPYLYGFPYYRVVPIVSLAVLIGLVYAVVAPLLLPILVIYFLLGYAVYINQMEDVYEITYDTCGQY
WPNIHRYIFLSVTLMQITMLKSKPGASFATVPLLVSTILFNEYCKVRFLPTFLHRPVQVAKENDDL
NEAEGMRGDLDHAISAYKPPWMRPTNFSPDCSSVQPLIRSV

SEQ ID NO: 414, DNA - Oryza sativa

ATGGGGCCGACCGCGCCGCCGCCGGACGCCGGCGGCGGGGAGCCGGAGGCGTGGTACGGCAGCATC
CAGTACCTGGTCAACATCTCCGCGGTGGGGGCCGCCTCCTGCGTGCTCCTCTTCCTCCTCGTCAAG
CTCCGCTTCGACCACCGCCGCATCCCGGGGCCCTCCGCGCTCGCCGCCAAGCTCCTCGCCGTCTAC
CACGCCACCGCGCCGCAGATCGCGCTCCACTGCGGGGCCGACGCCGCCCAGTTCCTCCTCTTCGAG
CGCGCCTCCTTCCTCGTGCTCGCCGCCGTGGCCGCCGCCGCCGTCGCCGCCGCCCTCCCGCTCAAC
CTCCTCGCCGGGGACGCCGCCATCGCCGACCAGTTCGCCGCCACCACCATCTCCCACATCCCCAAG
TCATCCCCGCTCCTCTGGCTCCATCTCCTCCTCACCGCCGCCGTCGTCGCCATCGCCCATCTCGGC
ATCTCCCGCATGGAGGACGCCCTTCGCATCACCCGCTTCCGCGACGGCAACGGCAACCCCAGCGAC
CCCAACTCCAGCTCGGTTGCCGTCTTCACCATCATGATCCAGGGCATTCCCAAGACGCTCGCCGCA
GACAAGACCCCGCTCAAGGATTACTTTGAGCACAAGTACCCTGGAAAGGTGTACCGGGTCATCGTG
CCCTTCGATCTCTGCACGCTGGAGTATCTAGCTGAGGAGTGGGGGAAGGTGCGGAACAGGATTTCT
TGGCTGGAGGCAAGGATGGATGCCCGCAACCTATTTGATGAATTTGCTCAGGGTGGAAGACATTCA
GAAGAGCATTGGATTGTGAGGAGATGCAAAGAGCTGTGGGTGATGACAGCAGAGAGGTTCGGGTTT
ACTGACGAGGAAATGCTAAGGAGGTTGCAGACAAAGAAACTTGTCCTCGGTAGCAGGTTATCGGAT

FIGURA 24 cont.

TATAAGGATGGGCGTGCTCCCGGTGCTGGCATAGCCTTTGTGGTTTTTAAGGACGTGTATACAGCA
AACAAGGCTGTGAGAGATTTCCGGATGGAAAGGAAGAAGACACCAATAGGGAGGTTCTTCCCGGTG
ATGGAGCTCCAGCTTGAGAGAAGCCGTTGGACTGTGGAAAGGGCACCACCGGCATCAGATATCTAC
TGGAACCATCTAGGGCTGAGCAAGACCTCACTAGGATTGCGGCGTATTGCAGTCAACACCTGCCTC
ATTCTGATGCTCTTGTTCTTCAGTTCACCATTGGCAATAATTAGTGGGATGCAAAGTGCAGCGCGG
ATCATCAATGTGGAGGCTATGGATAACGCCAAATCATGGCTTGTCTGGCTCCAAAGCTCTAGCTGG
TTCTGGACCATTATCTTTCAGTTTCTTCCCAACGTCCTCATTTTTGTGAGCATGTATATTATCATC
CCATCAGTGCTGTCTTACTTCTCCAAGTTTGAGTGTCATCTGACAGTGTCGGGAGAGCAGAGGGCT
GCATTGTTGAAGATGGTTTGCTTCTTCCTTGTTAATCTCATTCTACTGCGTGCGCTGGTGGAATCA
TCGCTTGAAAGTTGGATACTCAGTATGGGCCGGTGCTACCTAGACAGTGTTGATTGCAAGCAGATT
GAACAATACTTAAGCCCCTCTTTTTTGTCAAGATCTTCACTCTCCTCCCTGGCATTCTTGATCACA
TGCACCTTTCTAGGAATATCCTTTGATCTGTTGGCTCCAATCCCTTGGATAAAGCATGTAATGAAG
AAATTTAGAAAGAATGATATGGTCCAGTTGGTCCCTGAAGAAAATGAGGACTACCAACTGATGCAT
GATGGCGAAGAAACAAATAATTTGAGAGCGCCTCTAATGTCTGAGAGAGAAGACAGTGGCATTCTG
AATGGTATTGAGGAGCATGATCTTTCATTGTACCCGATAAACAGGAGCTTCCATATGCCAAAGCAG
ACATTTGACTTTGCACAATACTATGCATTTGACATTACAATATTCGCGCTCACAATGATCTACTCA
CTGTTTGCTCCTCTGACAGTTCCTGTCGGCGCAGTATACTTTGGCTACCGATACCTTGTGGACAAG
TACAATTTCCTGTTTATCTACAGAGTTAGAGGGTTTCCTGCAGGCAATGATGGGAAGCTGATGGAC
ATGGTGATCTGCATCATGCAATTCTGCGTTATTTTCTTCCTTGTTGCAATGTTACTATTCTTTGCA
GTCCAAGGTGATCCTATGAAGCTACAGGCAATATGTACTCTTAGTTTGTTAGTCTTTTATAAATTG
CTGCCCTCTAGAAGTGATCGCTTCCAGCCATCCTTGTTGGAAGGGATGCAGACAGTTAATAGCTTT
GTAGATGGTCCAACAGATTATGAAGTTTTTTCACAACCTGACCTGGATTGGAGCCTGTATCAATCC
TGA

SEQ ID NO: 415, proteína - Oryza sativa

MGPTAPPPDAGGGEPEAWYGSIQYLVNISAVGAASCVLLFLLVKLRFDHRRIFGPSALAAKLLAVY
HATAPQIALHCGADAAQFLLFERASFLVLAAVAAAAVAAALPLNLLAGDAAIADQFAATTISHIFK
SSPLLWLHLLLTAAVVAIAHLGISRMEDALRITRFRDGNGNPSDPNSSSVAVFTIMIQGIPKTLAA
DKTPLKDYFEHKYPGKVYRVIVFFDLCTLEYLAEEWGKVRNRISWLEARMDARNLFDEFAQGGRHS
EEHWIVRRCKELWVMTAERFGFTDEEMLRRLQTKKLVLGSRLSDYKDGRAPGAGIAFVVFKDVYTA
NKAVRDFRMERKKTPIGRFFPVMELQLERSRWTVERAFPASDIYWNHLGLSKTSLGLRRIAVNTCL
ILMLLFFSSPLAIISGMQSAARIINVEAMDNAKSWLVWLQSSSWFWTIIFQFLPNVLIFVSMYIII
PSVLSYFSKFECHLTVSGEQRAALLKMVCFFLVNLILLRALVESSLESWILSMGRCYLDSVDCKQI
EQYLSPSFLSRSSLSSLAFLITCTFLGISFDLLAPIFWIKHVMKKFRKNDMVQLVPEENEDYQLMH
DGEETNNLRAPLMSEREDSGILNGIEEHDLSLYPINRSFHMFKQTFDFAQYYAFDITIFALTMIYS
LFAPLTVPVGAVYFGYRYLVDKYNFLFIYRVRGFPAGNDGKLMDMVICIMQFCVIFFLVAMLLFFA
VQGDPMKLQAICTLSLLVFYKLLPSRSDRFQPSLLEGMQTVNSFVDGPTDYEVFSQPDLDWSLYQS

SEQ ID NO: 416, DNA - Oryza sativa

ATGAAAGTCGGCGCTCTTTTGACCTCAGCTGGAATCAACATTAGCCTCTGTATACTTTTTTTGTCA
CTGTATTCCGTTCTGAGGAAGCAACCGCAAAATGTTAAGGTCTATTTTGGAAGAAGGATTGCTGAG
GAGAATAGTAGGCTCAGGGAGGCTTTTATTTTGGAGAGATTGTTCCATCCGCTAGCTGGATTTTG
AGAAGTCTTCGATGCACGGAGGATGAACTCTTAGCTACTGCTGGGTTGGATGCAGTTGTCTTCAAT
AGGATTCTTGTATTTAGCATACGCATATTCTCCTTAGCCGCTTTCCTTTGTGTACTTGGAGTTCTT
CCACTGAATTATTTTGGACAAGATATGCTCCATGTACGGATTCCTTCAGCATCATTGGAGACATTT
ACAATTGGAAATATGCAAGAGAGATCAAGATGGCTCTGGGTCCATTGTGTTGCACTGTACATCATA
TCTGGTGTGGCTTGCCTTCTTCTATACCTTGAGTACAAGCATATTGCTAGGCTGAGGTTACTTCAT
GTTTCTCGAGCATCGACCAATCCTAGCCATTTTACTGTGCTTGTTCGTGGAGTACCAAAATCAACT

FIGURA 24 cont.

AAAGAATCAATTAGTTGCACTGTTGAGAGTTTCTTCACCAAGTATCATGTGTCGAGTTACCTTTCT
CATCAGATTATTTATAAAGTCGGGAAACTTCAGAAGATTGTGACTGGTGCAAAGAAGGCTTATAAG
AAATTTAAACATTTCAAGGGCACCACAGTTGATCAGAGATGCGGACCAATTACATATAGATGTGGT
CTTTGTGGAGCTTCATCAAAGTCGTTCGAGTTGCTGCCTGTTGAACCTGAGCAAGAGATGAAAAAA
CATGATGTGAAAGATTCAGAGTTGAGCTTACCTGATAAGGATTGTGGTGCTGCTTTGTATTTTTC
AAAACTCGGTATGCAGCCCTGGTCGTATCAGAAATTGTTCAGACATCCAATCCTATGGAATGGGTT
ACTAGTCTTGCTCCAGATCGAGATGACGTATATTGGTCAAATCTTTGGTTACCCTACAAGCAGCTT
TGGATTCGCCGTATAGTTACACTTTCGGGTTCTATTGTTTTTATGTTCCTGTTTCTCATACCTGTG
ACATTTATACAAGGTCTAACTCAGTTGGAGCAGCTGCAGCAAAGGCTCCCTTTCCTAAATGGCATA
TTAAAAAAGAAGTACATAACCCAGCTAGTGACCGGATACCTTCCCAGTGTCATCTTGCAAATATTT
TTATACACTGTTCCCCCAACCATGATGTTTTTTTCTACATTAGAAGGACCCGTGTCCCACAGTGAA
AGGAAGAGAAGTGCCTGCTGTAAAGTATTATACTTCACTATTTGGAATGTATTCTTTGTGAATGTC
CTATCAGGTTCTGCAATTAGCCAAGTGAATGCGTTATCAAGCCCAAAGGACATTCCTATGGTGCTT
GCTAGAGCGGTACCTGTACAGGCTACATTCTTTACCACCTATGTACTGACTTCTGGTTGGGCTAGT
TTATCATCAGAACTTATGCAACTCTTTGGTCTCACATGGAACTTTATAATGAAGTATGTTTTGAGA
ATGAAAGAGGATAGCTACTTTGTCCCGTCATTTCCCTATCATACTGAAGTGCCAAAAGTTCTGTTG
TTTGGACTACTGGGATTCACATGCTCTGTATTAGCACCTCTCATCTTGCCCTTTTTACTGGTGTAC
TTTTTTCTTGGTTATGTTGTGTACCGCAACCAGTTCCTCAATGTTTATTGCACGAAATACGACACA
GGTGGTCTGTATTGGCCGATTGCTCACTATACAACAATCTTCTCTATTGTGCTCACCCAGATCATC
TGTCTTGGTGTCTTTGGGCTTAAAGAATCCCCAGTAGCTGCAGGCTTCACTGTACCTCTCATCATC
CTCACTCTTTTATTCAACCAGTATTGCAGCAATCGTCTTCGGCCATTATTCAAGACTCTCCCTGCA
CAGGATTTAATTGACATGGACAGGGAGGACGAGCAATCGGGAAGAATGGATGACATTCACCACCGT
CTTCATTCTGCTTACTGCCAGTTTGCTGACACTGACGACATACCTCTGAAAGGAGTTCACGTTGAC
AGAGATGCAGATGCAAGCGGAAGTTCCGGTGAATCTAGCTGCAAAGAAGACACCAACCAACCCACA
ACCAGTGACATTTCTCACCCTACACTGGAAGGACTCCCTGTAAACCGGCTACGGCATGCAGTGAGG
TCGCTCAGTTCCATCATCAGGTTACAGAAGAGAGGCCTGTCACCACAGCCCGCTGGACCCTCCGCC
GATGTAAATCCGCAAACTGCATAA

SEQ ID NO: 417, proteína - Oryza sativa

MKVGALLTSAGINISLCILFLSLYSVLRKQPQNVKVYFGRRIAEENSRLREAFILERFVPSASWIL
RSLRCTEDELLATAGLDAVVFNRILVFSIRIFSLAAFLCVLGVLPLNYFGQDMLHVRIPSASLETF
TIGNMQERSRWLWVHCVALYIISGVACLLLYLEYKHIARLRLLHVSRASTNPSHFTVLVRGVPKST
KESISCTVESFFTKYHVSSYLSHQIIYKVGKLQKIVTGAKKAYKKFKHFKGTTVDQRCGPITYRCG
LCGASSKSFELLPVEPEQEMKKHDVKDSELSLPDKDCGAAFVFFKTRYAALVVSEIVQTSNPMEWV
TSLAPDRDDVYWSNLWLPYKQLWIRRIVTLSGSIVFMFLFLIPVTFIQGLTQLEQLQQRLPFLNGI
LKKKYITQLVTGYLPSVILQIFLYTVPPTMMFFSTLEGPVSHSERKRSACCKVLYFTIWNVFFVNV
LSGSAISQVNALSSPKDIPMVLARAVFVQATFFTTYVLTSGWASLSSELMQLFGLTWNFIMKYVLR
MKEDSYFVPSFPYHTEVPKVLLFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYVVYRNQFLNVYCTKYDT
GGLYWPIAHYTTIFSIVLTQIICLGVFGLKESPVAAGFTVPLIILTLLFNQYCSNRLRPLFKTLPA
QDLIDMDREDEQSGRMDDIHHRLHSAYCQFADTDDIPLKGVHVDRDADASGSSGESSCKEDTNQPT
TSDISHPTLEGLPVNRLRHAVRSLSSIIRLQKRGLSPQPAGPSADVNPQTA

SEQ ID NO: 418, DNA - Oryza sativa

ATGGAATTTTCTGCCCTTCTGACTTCGGCAGGCATAAACATCGGCCTCTGTGCGCTCTTCCTGTCA
CTCTATTCAGTCCTTAGGAAGCAGCCTCACAACTATGGCGTCTACTTCGGGAGGCGGCTCGCCGAG
GAGAAGTTCCGGCAGCAGGTCGACTACTTCTCGCTTGAGAGGCTCTTGCCTACCGCTGGATGGATA
GTGAAAGCGTACTGGTGCACGGAAGAGGAGATACGACGGGTTGCTGGCTTGGATTCCGTGGTGTTC
CTCCGCCTCTTCATCTTCAGCATACGTATCTTCTCGATAACTTCTCTTGTTTGCATATTTGGAGTG

FIGURA 24 cont.

CTTCCTGTTAATTACCATGGGAAAGAAACGAATCACGGACGTATTCCAGCAGAGTCTCTCAATGTA
TTCACAATTGCAAATCTCAAAGAAGGATCACGAATGCTTTGGGTGCATTGTGTTGCCTTATATGTT
ATAACAATATCAGCTTGTATTCTTCTATACTATGAGTATAAGTATATATCAAGGAAGAGATTGGCG
CATATTACTGGATCACCACCTGGTCCGGGTCATTTTTCTGTGATTGTTCGATCAATACCAAAGTCA
GATAATGAGCTACTTGATGACACTATCAGAAATTTCTTTGTTAATTATCATGGATCCAGTTACTTG
TCACATCAGATGATCTACCGGAAAGGAAGTATGCAGAAATTTGTGGATAATGCAGAGAGGGTATAT
AGGAAATTTGTAAGAGTTAAGATGTCTTCATTTGGACAGAGTAGAAGGTCTGACTTGTCCAGATGT
GGTCTTTGTGGAGTACGGGCTTCGTCGTTTCAGCAATATCGCAATAAATTCATCAATTCCAAGAAG
CCAGACCTAAGTGATCCAGAAGTAATTGAAGCTCAGAAGGATTGTCCAGGTGCTATAGTATTCTTC
AAGACTCGCTATGCGGCAATTGTTGCTTCACGAATTCTTCAATCTTCAAATCCTATGCTATGGGTG
ACAGATTTTGCTCCTGAGCCAAGGGATGTCTATTGGTCAAACCTCTGGATCCCCTATAGACAGATC
TGGCTCCGGAAAATAGCAACACTTGCAGCTAGTGTTGCCTTCATGTTTGTTTTTATTGTCCCCGTT
GCATTCGTCCAAAGCATGATGCAACTGGATCAGATTGAGCAGCTATTTCCAAGCCTGAAAAACATG
TTGAAGAAGCCCTTTTTTGTCAAACTTGTAACGGGATACCTCCCTAGCGTCGTTCTGCTGCTGTCC
CTGTACACAGTTCCTCCATTGATGATGTTCTTCTCTTCCATAGAAGGATCGATTTCTCGCAGTGGC
AGGAAAAAAAGTGCTTGCTGCAAAATTTTGTTCTTTACCATCTGGAACGTCTTCTTTGTCAATGTC
CTGTCAGGATCCGTGCTAAATCAGCTAAATGTCTTCACTAGACCAAGGGATATGCCATCTATGCTT
GCCGAACTTGTACCAAAGCAGGCAACTTTCTTCATCACTTATGTCCTCACATCAGGATGGGCAAGT
CTATGCTCCGAGATATTGCAAGTGTACAACTTAGTATATAACTTCTTCAGAAAATGTATATTTTGC
TACCGGGATGATCCAGAATATGGCTACTCTTTCCCTTACCATACTGAAGTCCCGAAAGTCCTCCTG
TTCAACCTGCTTGGCTTCACATTTTCGATAATGGCACCTCTCATACTGCCCTTCTTGCTAGTCTAC
TTTTGCCTCGGCTACCTAGTGTATCGCAATCAGATCCTAAATGTCTACTACCCAAAGTACGAAATG
GGAGGGAAACTGTGGCCAATCATGCACAGCACCTTGGTTTTCGCCCTGGTTTTGACACAGACCATA
GCTCTTGGAGTGTTCACCATAAAGCACGCTACTATATCTTCAGGGTTCACCGTCCTACTAATCATC
GGGACAGTCCTCTTCCATCAGTATTGCAGACACCGGTTTTCAAGCATATTCAACTCCTTTTCTGCC
CAGGATCTGATAGAGATGGACAGAGACGATGAACAATCCGGGAGGATGGAGGAGATCCACAAGCAC
CTTCTGGACGCCTACTCCCAAGGCACCACCAACATGGACAACTCCAGTTCTTCCAGGAATGGAGGG
GCTCCAATCGAAATGATCATGGAAGACCCTGCGCAGGATGCACAGGATTCTAACCAAGAACTCTGT
GACGCCGTGAAGGAAGTGACTGGGTCGATTCAGGAACATGCCGACGAGATGTGA

SEQ ID NO: 419, proteína - Oryza sativa

MEFSALLTSAGINIGLCALFLSLYSVLRKQPHNYGVYFGRRLAEEKFRQQVDYFSLERLLPTAGWI
VKAYWCTEEEIRRVAGLDSVVFLRLFIFSIRIFSITSLVCIFGVLPVNYHGKETNHGRIPAESLNV
FTIANLKEGSRMLWVHCVALYVITISACILLYYEYKYISRKRLAHITGSPPGPGHFSVIVRSIPKS
DNELLDDTIRNFFVNYHGSSYLSHQMIYRKGSMQKFVDNAERVYRKFVRVKMSSFGQSRRSDLSRC
GLCGVRASSFQQYRNKFINSKKPDLSDPEVIEAQKDCPGAIVFFKTRYAAIVASRILQSSNPMLWV
TDFAPEPRDVYWSNLWIPYRQIWLRKIAILAASVAFMFVFIVPVAFVQSMMQLDQIEQLFPSLKNM
LKKPFFVKLVTGYLPSVVLLLSLYTVPPLMMFFSSIEGSISRSGRKKSACCKILFFTIWNVFFVNV
LSGSVLNQLNVFTRPRDMPSMLAELVPKQATFFITYVLTSGWASLCSEILQVYNLVYNFFRKCIFC
YRDDPEYGYSFPYHTEVPKVLLFNLLGFTFSIMAPLILPFLLVYFCLGYLVYRNQILNVYYPKYEM
GGKIWPIMHSTLVFALVLTQTIALGVFTIKHATISSGFTVLLIIGTVLFHQYCRHRFSSIFNSFSA
QDLIEMDRDDEQSGRMEEIHKHLLDAYSQGTTNMDNSSSSRNGGAPIEMIMEDPAQDAQDSNQELC
DAVKEVTGSIQEHADEM

SEQ ID NO: 420, DNA - Oryza sativa

ATGGGTTCTCTCACAGATATCGGCGTCGCCGCAGGAATAAACATACTGTCCGCATTGGGTTTTCTT
CTCGCATTTGCGGTTCTCAGGATACAGCCTATCAACGACAGGGTCTACTTTCCCAAATGGTACCTC
AAAGGGACAAGAAGCAGCCCAAGAAGCATGGGAACGGTTTTCTCAAAGTTTGTCAATGCTGATCTC

FIGURA 24 cont.

TCGACGTATATCCGCTTCCTGAATTGGATGCCTGCAGCGCTGCAAATGCCTGAGCCCGAGTTGATT
GAGCACGCAGGCCTCGACTCCGCGGTATATGTCCGCATATATCTTCTTGGGTTAAAAATATTTGTG
CCGATTGCTGTGCTGGCATTCATTGTCCTTGTTCCTATCAACTGGGCTAGTGGAACTTTGGAGAAG
GAAAAGAGTCTAAGTTATGATCAAATTGACAAGCTTTCAATATCTAACCTTGGAAAAGGATCGAAA
AGATTTTGGGCACACATAGTGATGGCCTATGTATTTACGTTTTGGACGTTTTTCGTGTTGTATCGT
GAATACAAGGTTGTAACAACTATGAGATTGCGCTTTCTTGCTATTCAGAATCGTCGAGCTGATCAG
TTTACGGTCCTGGTGAGAAATGTACCACCTGACCCAGATGAAACAGTTAGTGAGCATGTTGAGCAC
TTCTTTGCTGTCAATCATCGTGATCATTATCTCAGTCACCAGACCGTATACAATGCAAACACCCTT
GCCGGTTTGGTTGAGCAGAAGAAAGGCTTGCAAAACTGGCTGGTCTACTACGAAAACCAGCATGCT
AAAAACCCTGCAAAAAAACCAACTATGAAGACAGGATTGTGGGGCCTTTGGGGGAAAAGAGTGGAT
GCTATAGAACACTACACCACTGCCATTGAGGAGTTATGCAAACAGGAAGATGAGGAGAGACACAAG
GTGATCACTGATCCTAATGCTATTATGCCAGCTGCATTTGTATCTTTCAAAAGCCGGTGGGGAGCT
GCTGTTTGCGCTCAAACGCAACAGACGAGCAATCCAACGTTGTGGCTTACCGAGTGGGCCCCAGAA
CCTCGGGATGTTTTCTGGCCTAATCTCGCGATCCCTTTCGTCGAGCTCTCAGTCCGGAGGCTTATC
ATGGCCGTTGCACTCTTCTTTCTGACCTTTTTCTTCATGATTCCAATTGCAATTGTCCAATCAATG
GCAAACTTGGATGACATTGAACGGATGCTTCCTTTCCTGAAACCTATAATAGAAAGAAATTCACTG
AAGTCAATTGTGCAAGGTTTCTTGCCAGGAATCGCATTGAAAATCTTCCTTATACTTCTCCCAACA
TTTCTTGTGATGATGAGCAAAATTGAAGGTCATACATCACTATCTGGATTGGACAGGAGGACTGCG
TCGAAGTATTATTTGTTCCTATTTGTCAATGTGTTCTTGGGGAGTGTAATAACTGGAACAGCGTTC
CAACAACTCAACAATTTTATCCATCAGTCAGCTAATAAAATTCCAGAGATTGTCGGAGAATCCATC
CCCATGAAAGCAACATTTTTCATCACATATGTAATGGTTGATGGCTGGGCTGGTGTTGCCGCTGAG
GTTCTTAGGTTGAAGCCATTGGTCATGTTCCATATAAAGAATACTTTCTTGGTCAGAACCGAGCGA
GATCGAGAGCAGGCCATGGACCCTGGGAGCCTGGATTTTGGCACCACAGAACCAAGGATACAACTG
TACTTTCTGCTTGGGCTTGTATATGCTGTCGTGACACCAATTCTTCTACCTTTCATCATAGTGTTC
TTTAGCCTTGCCTATCTAGTATTCAGACACCAGATCATTAATGTCTACAATCAGCAATATGAGAGT
GGCGCGCAATTCTGGCCAGATGTCCAAAGACGACTGGTTATAGCATTGATAGTATCACAAATCCTC
CTGTTGGGACTGCTGAGCACGCAGGAAGCAGAGAAATCCACTGTTGCTCTTCTTCCTCTTCCTGTA
CTGTCCATATGGTTCCACTATGTTTGCAAGGGCCGCTTTGAGCCAGCGTTTATAAAGTTCCCCCTG
CAGGATGCAATGGTAAAGGATACACTGGAACGGGCAAATGACCCAACCCTGAATTTGAGAGAGTAC
CTGAAGGATGCATATGTGCACCCAGTGTTCCAAAAAAATGACATATATGAGTTTGCTGGCATCGAC
GAGGAAGAGAAGAACCCCATGGTTGCAACGAAGCGCCAATCGCGAATGAACACACCAGTAGATAGC
AAGTTCAATTCCAGTTCTGGCACTAATGAAGGAGAGTTCAGTCGGATGGCTCCTACCTGA

SEQ ID NO: 421, proteína - Oryza sativa

MGSLTDIGVAAGINILSALGFLLAFAVLRIQPINDRVYFPKWYLKGTRSSPRSMGTVFSKFVNADL
STYIRFLNWMPAALQMPEPELIEHAGLDSAVYVRIYLLGLKIFVPIAVLAFIVLVPINWASGTLEK
EKSLSYDQIDKLSISNLGKGSKRFWAHIVMAYVFTFWTFFVLYREYKVVTTMRLRFLAIQNRRADQ
FTVLVRNVPPDPDETVSEHVEHFFAVNHRDHYLSHQTVYNANTLAGLVEQKKGLQNWLVYYENQHA
KNPAKKPTMKTGLWGLWGKRVDAIEHYTTAIEELCKQEDEERHKVITDPNAIMPAAFVSFKSRWGA
AVCAQTQQTSNPTLWLTEWAPEPRDVFWPNLAIPFVELSVRRLIMAVALFFLTFFFMIPIAIVQSM
ANLDDIEFMLPFLKPIIERNSLKSIVQGFLPGIALKIFLILLPTFLVMMSKIEGHTSLSGLDRRTA
SKYYLFLFVNVFLGSVITGTAFQQLNNFIHQSANKIPEIVGESIPMKATFFITYVMVDGWAGVAAE
VLRLKPLVMFHIKNTFLVRTERDREQAMDPGSLDFGTTEPRIQLYFLLGLVYAVVTPILLPFIIVF
FSLAYLVFRHQIINVYNQQYESGAQFWPDVQRRLVIALIVSQILLLGLLSTQEAEKSTVALLPLFV
LSIWFHYVCKGRFEPAFIKFPLQDAMVKDTLERANDPTLNLREYLKDAYVHPVFQKNDIYEFAGID
EEEKNPMVATKRQSRMNTPVDSKFNSSSGTNEGEFSRMAPT

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 422, DNA - Oryza sativa

ATGGCCACTGTTTCTGACATCGGCCTCTCCGCGGCTATCAACGTCTCGATGGCCGTTGCATTCTTG
CTGGTCTTTGCTTTTCTACGATTACAGCCCATCAACGATAGGGTTTACTTTCCAAAATGGTACCTC
AGAGGAATGAGAGACAGCCCTGTTTCCTCTGGTGCTGCAGTGCAAAAGGTTGTCAATTTAAACATG
AGATCATACTTGAAATTTTTAAGTTGGATGCCGGCTGCTCTCAAGATGCCAGAGGATGAGTTGATC
AATCATGCAGGCCTTGATTCCGCTGTCTATCTACGGATATACCTAACAGGGATCAAGATATTCGTT
CCAATATCAATTTAGCTTCGCTTGTTCTGTTCCCTGTGAACTGGACAAATGACACCCTAGACAGC
ATGAAGGTAGTCCACAGTAAAATTGACAAACTTTCAATATCAAACATACCTTATGGGTCAAACAGG
TTTGTTACTCACTTGGTTATGGCTTATGCTGTCACGTTTTGGACCTGCTATGTACTGTTCCGAGAG
TATGAGATAATTACAACGATGAGATTGCGGTTTCTTGCTTCAGAGAAACGGCGACCAGACCAGTTT
ACAGTTCTTGTGCGGAATATACCTCCAGATCCTGATGAATCAATTAGTGAGCTCGTGGAGCATTTC
TTCCTTGTTAATCATCCTGATCATTATCTAAGACACCAGGTGGTTTACAATGCAAATAAACTTGCT
GATCTGGTTGAGAAGAAGAAGAAACTGCAAAATTGGCTTGATTACTACCAGCTCAAGTATGAAAGA
AATCCATCAAAAAGGCCCACCACTAAGACTGGCTTTCTTGGCTGTTTTGGTTCCGAGGTGGATGCC
ATTGAATACTACAAAGCAGAGATTGAGAAGATTGGGAAAGAAGAAGCTGATGAGCGTCAAAAGATC
ATGAAGGATCCCCAGTCAGCTGTTCCAGCAGCCTTTGTTTCATTTCGTTCACGGTGGGGGGCTGCT
GTTTGTGCTCAGACACAGCAAACCAGTAATCCAACAGTCTGGATAACTGAATGGGCTCCAGAACCT
CGTGATGTCTACTGGAATAATCTATCCATTCCATTTGTGTCCCTCACAGTTAGGAGGCTGATAGTT
GCTGTGGCATTCTTCTTCCTCAACTTTTTTTATGTCATTCCAATAGCATTCGTGCAATCTCTTGCA
AGCCTTGAAGGAATAGAAAAGGCGCTTCCATTTCTGAAACCCTTAATCAAAATTGATGTCATCAAA
TCATTCATCCAAGGTTTTCTTCCAGGAATTGCTTTGAAGGTCTTCCTTATATTGCTTCCAACTATA
CTGATGTTTATGTCTAAGTTTGAAGGATTAATATCACAGTCATCACTGGAGCGAAGATCTGCATCT
AAATATTATATCTTCTTGTTCTTCAATGTATTTTTGGGAAGCATCGTTACAGGATCTGCTTTAGAT
CAGCTTAAGGCATACATTCATCAGTCGGCAAATGAAATACCGAGAACCATCGGTGTAGCCATTCCA
ATGAGGGCGACTTTTTTCATAACATATGTAATGGTTGACGGTTGGACTGGTGTAGCTGGTGAAATA
TTGAGATTGAGGGCACTTATAATCTTCCATTGAAAAACTTTTTCTTGGTGAAGACTGAAAAGGAC
AGAGAAGAGGCAATGGATCCTGGTAGTATCTGTTTTGATTGGTGTGAACCACGTATACAGCTATAT
TTCTTACTTGGCCTTGTCTATGCTGTGGTGACACCGTTATTGCTTCCTTTCATATTGGTATTCTTC
GGGCTGGCATATGTTGTCTACCGCCACCAGATAATAAATGTCTACAATCAACAATACGAGAGTGGT
GCACAGTTTTGGCCGAGTGTGCACGGGCGCATAATCATTGCATTGATCGTATCACAGCTACTTCTT
ATTGGACTGTTGAGTACAAAAGGTTTCGAGGAGACGACACCAGTTCTTGTTGTTCTTCCTGTGTTG
ACGTTTTGGTTTTACAAGTACTGCAAGAACCGGTTTGAGCCTGCATTTGTGAGGAACCCACTACAG
GAAGCGATGAGGAAAGACACCCTGGAACGGGCAAGGGAGCCAACCTTCGATCTGAAAGCGTACCTG
GCCAATGCGTACCTGCACCCGGTGTTCAAAGGCAGGGAGGAGGAGGACAATATGTCAATATCCGAG
GATGTCGGGATGGAGGAGGTGATCGTGCCGACCAAGCGTCAATCTCGCCGGAACACTCCCGCCCAG
AGCAAGTACGAAGGCTCCGACACGCTCTCTCTTCCTGAAACTGTACACGAACGATAG

SEQ ID NO: 423, proteina - Oryza sativa

MATVSDIGLSAAINVSMAVAFLLVFAFLRLQPINDRVYFPKWYLRGMRDSPVSSGAAVQKVVNLNM
RSYLKFLSWMPAALKMPEDELINHAGLDSAVYLRIYLTGIKIFVPISILASLVLFPVNWTNDTLDS
MKVVHSKIDKLSISNIPYGSNRFVTHLVMAYAVTFWTCYVLFREYEIITTMRLRFLASEKRRPDQF
TVLVRNIPPDPDESISELVEHFFLVNHPDHYLRHQVVYNANKLADLVEKKKKLQNWLDYYQLKYER
NPSKRPTTKTGFLGCFGSEVDAIEYYKAEIEKIGKEEADERQKIMKDPQSAVPAAFVSFRSRWGAA
VCAQTQQTSNPTVWITEWAPEPRDVYWNNLSIPFVSLTVRRLIVAVAFFFLNFFYVIPIAFVQSLA
SLEGIEKALPFLKPLIKIDVIKSFIQGFLPGIALKVFLILLPTILMFMSKFEGLISQSSSLERRSAS
KYYIFLFFNVFLGSIVTGSALDQLKAYIHQSANEIPRTIGVAIFMRATFFITYVMVDGWTGVAGEI
LRLRALIIFHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGSICFDWCEPRIQLYFLLGLVYAVVTPLLLPFILVFF
GLAYVVYRHQIINVYNQQYESGAQFWPSVHGRIIIALIVSQLLLIGLLSTKGFEETTPVLVVLPVL
TFWFYKYCKNRFEPAFVRNPLQEAMRKDTLERAREPTFDLKAYLANAYLHPVFKGREEEDNMSISE
DVGMEEVIVPTKRQSRRNTPAQSKYEGSDTLSLPETVHER

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 424, DNA - Oryza sativa

ATGGACACCGCGTCGTTCGTGACGTCGCTGCTGACGTCGTTCGTGATCTTCGTCGTGCTGGTGCTG
GTGTTCACGTGGCTGTCGAGCAGGCCGGGCAATGCGCCGGTGTACTACCCGAGCGTCCTGCTGCGG
GGGCTCGACCCGTGGGAGGGGCGGGGGCGGGGGACGAGGAGCCCCGTCGGGTGGCTGCGCCAGGCG
ATCTCCGCCTCGGAGGGTGACGTCGTCGCCGCCGGCGGGGTCGACGCCGCCGTCTACCTCGTCTTC
CTCTCCTCCGTGTTGTCCATCTTGGTGTTCTCTGGGATTGTGCTGCTTCCAGTTCTGCTACCTGTT
GCTGCTACTGACGATAACCTGAACCTGGAAAGGGCTATTGGCCTGAAGAATGGCAAAACACCCCAG
AACTTCACAGAGCTCGAGAAATTAGCACTGGGCAATGTTCAAGAACATAGCCGAAGGCTGTGGGCA
TTTCTATTATCAGTCTATTGGGTCTCTTTTGTCACGTACTTCGTACTATGGAAGTCCTACAAGCAT
GTTTCTAATATGAGAGCGGCTGCAAGATCAACACCAGATGTTAAACCGGAGGAGTTTGCTGTGTTG
GTGAGAGATGTTCCTAAGCCACCTCCTGATCAAACTATAAAGGATTCTGTAGACTCATATTTCCGA
GCACTTCATCCTGATACCTTCTACAGATCAATGGTTGTGACTGACCACACAAAGGCTGACAAAATT
TATCAAGAGATTGAAGGTCACAAACAGAAAATTGCTCGTGCTGAAGTTGTCTATGCGGAGTCTAAA
ACAACAGGCAAGCCTGAGGGCACCAAGCCTACGCATCGGATTGGATTTCTTGGTCTTATCGGTAAA
AAGGTTGATACAATTGAGTATTGTAATGACCAAATCAAGGAGTTGCTGCCCAAACTGGAGGCCGAA
CAGAAGACTACCCTTCGTGAGAAACAGCAACAGGCTGCAATTGTGTTTTTCAACAGAAGATCTGCT
GCAGCTTCTGCATCTCAGACTCTCCATGCTCAGATGTTTGATAAATGGACTGTTGAGCAGGCTCCT
GAACCACGCCAGATAATATGGTCTAATCTTTCCAAGAAAATATATGAGAGGCAAATCAGACAGGTT
GTGGTCTATACCATTGTCTTTCTCACAGTGGTTTTCTATATGATTCCTATTACTGCTATCTCTGCT
CTTACAACTTTGGAGAAGTTGAGGGAGAAGCTTCCCTTTCTGAAGGTGGTGGTGGACCAACCGAAA
ATCAAGACTGTCCTACAGGCTTACCTCCCGCAGCTTGCACTTATTGTTTTCCTTGCTTTGCTGCCT
AGTCTTCTAATGTTCCTCTCAAAGCTGGAGGGGATTCCTTCACAGGGTCATACAGTTAGGGCAGCA
GCAGGGAAGTACTTCTACTTCATTGTGTTCAATGTCTTCCTTGGGGTTACTATTAGTTCCACATTG
TTCAGTGCTTTGACAACCATAATCAATAACCCTCCTGGGATTGTGAACATGCTTGCCAGCAGCCTT
CCAGGAAGTGCAACTTTCTTCCTTACATTTGTTGCACTGAAATTCTTTGTTGGTTATGGGCTTGAG
CTCTCTCGCTTGGTCCCTCTTATCATTTTCCACCTGAAGAGGAAGTACCTATGCAAGACCGAGGAT
GAAGTGAGAGCAGCTTGGGCTCCAGGCGACCTAGGATATAACACCAGGGTTCCGAATGACATGCTC
ATAGTTACAATAGTGCTGTGCTACTCTGTCATTGCACCTCTGATTATTCCATTTGGTGTTGCTTAC
TTTGCTCTTGGATGGATTATAGTGAAAAATCAGGTTCTCCGAGTTTATGTTCCCAGCTACGAGAGC
AACGGGCGAATGTGGCCACATATGCACACAAGGATCATTGCAGCTCTACTGATTTACCAGATCACC
ATGGTTGGTGTCATCCTGCTGAAGAAGTTCTTGTACTCCCCTGTTCTTGTGCCCCTCATCCCAATA
AGCTTCATCTTCGCCTACATTTGCCATATGCGGTTCTACCCGGCGTTCGCCAAGACCCCTCTCGAG
GTGGTTCAGCACAACGTGAAAGACACGCCGAACATGGATGCCGTCTACACCTCCTACATCCCGGCT
TGCCTGAAGCCTGAGAAGCTAGAGGATGTGGATATCTTCGAAGACGCCCAGTTGCACACCACCTCC
AGAGCCCCATCCATCTAA

SEQ ID NO: 425, proteína - Oryza sativa

MDTASFVTSLLTSFVIFVVLVLVFTWLSSRPGNAPVYYPSVLLRGLDPWEGRGRGTRSPVGWLRQA
ISASEGDVVAAGGVDAAVYLVFLSSVLSILVFSGIVLLPVLLPVAATDDNLNLERAIGLKNGKTPQ
NFTELEKLALGNVQEHSPRLWAFLLSVYWVSFVTYFVLWKSYKHVSNMRAAARSTPDVKPEEFAVL
VRDVPKPPPDQTIKDSVDSYFRALHPDTFYRSMVVTDHTKADKIYQEIEGHKQKIARAEVVYAESK
TTGKPEGTKPTHRIGFLGLIGKKVDTIEYCNDQIKELLPKLEAEQKTTLREKQQQAAIVFFNRRSA
AASASQTLHAQMFDKWTVEQAPEPRQIIWSNLSKKIYERQIRQVVVYTIVFLTVVFYMIPITAI**SA**
LTTLEKLREKLPFLKVVVDQPKIKTVLQAYLPQLALIVFLALLPSLLMFLSKLEGIPSQGHTVRAA
AGKYFYFIVFNVFLGVTISSTLPSALTTIINNPPGIVNMLASSLPGSATFFLTFVALKFFVGYGLE
LSRLVPLIIFHLKRKYLCKTEDEVRAAWAPGDLGYNTRVPNDMLIVTIVLCYSVIAPLIIPFGVAY
FALGWIIVKNQVLRVYVPSYESNGRMWPHMHTRIIAALLIYQITMVGVILLKKFLYSPVLVPLIPI
SFIFAYICHMRFYPAFAKTPLEVVQHNVKDTPNMDAVYTSYIPACLKPEKLEDVDIFEDAQLHTTS
RAPSI

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 426, DNA - Oryza sativa

ATGGCGACGCTGCCGGACCTGGGTGTGTCCGCCTTCATCAACATCTTGGGCGCCTTCGTCTTCCTC
CTCATCTTCGCCGCCCTCCGCCTCCAGCCCATCAACGACCGCGTCTACTTCCCCAAGCTCTACCTC
ACTGGCCAGCGACGCCACCACCCTCACCCTCATGGCTTCGTCAACCTCGACCTCTGCTCCTACCTC
CGCTTCCTCGCCTGGGTCCCCGGCGCCCTCCGCATGTCCCAGCCCGACCTCATCCACCACGCCGGC
CTCGACTCCGCCGTCTACCTCCGAATCTACACGCTCGGCCTCAAGATATTTTGCCCATCATGACT
GTCGCCTTGCTGGTTCTTATTCCAGTTAATGTCTCTGGTGGCACGTTACTTAATTTACGAAAAGAA
ATTGTCTTTAGTGATATTGATAAGCTTTCCATATCAAATGTCAACCCTGGATCCAACAGGTTCTTT
ATCCATCTATTAATGGCATATGTGTTCACTTTTTGGACTTGCTTTATGCTATACAAAGAGTATAGC
AATGTGGCATTTATGAGATTGCACTTCCTGGCTTCTCAGAAGCGTTGTGCTGATCAGTTCACTGTG
ATTGTTAGAAACATACCTCATGTTTCAAGCCATTCAACATCTGAAACAGTGGATGAATTCTTCCGT
AGGAATCATCCAGACCACTATCTTGGTCAGCAGGCTGTTTATAACGCAAACAGGTATGCTAAACTT
GTGAAGAAAAAAGAGAGGCTTCAAAACTGGTTGGATTACTACCAGCTGAAGTTTGAAAGGCATCCT
GGAAAAAGACCAATTGGAAGGACAGGGTGCCTTGGTTTCTGCGGTAGAGAAGTGGATCAAATCGAC
TATTACCGTGCTAGAATCAGCGAGCTTGATAAGAAGCTTGCATCTGAGCGTCAAAGAGTTCTCAAT
GACCCAAAAGCTGTTATGCCAGTTGCTTTTGTGACATTTGACTCGAGATGGGGAGCTGCTGTATGT
GCACAGACACAACAGTCAAAGAATCCTACCCAATGGCTAACTGATTGGGCTCCTGAACCGCGGGAT
GTATATTGGCAGAATCTTGCCATTCCATTTTTCTCTCTCAGTATCCGCAAGTTCCTGATATCCATT
GCAGTTTTTGCTCTGGTGTTCTTCTACATGATACCTATAGCTTTTGTGCAATCACTTGCCAATCTT
GAGGGTATTGAAAAAGTTGCACCTTTCCTAAGGCCTGTGATAGACACACCAGTGGTGAAATCCTTC
CTGCAGGGTTTCCTTCCGGGTTTGGCTTTGAAGATTTTTCTGTATATCCTCCCAACGGTTTTGATG
ATTATGTCAAAGGTTGAAGGTTATGTGTCTTTATCATCTCTGGAAAGGAGGGCTGCTTCAAAATAT
TACTACTTCATGCTGGTGAATGTATTTCTTGGAAGCATAATCGCTGGCACAGCTTTTGAACAGCTA
AATGCATTTTTCCATCAGCCACCTTCACAAATACCAAGGACCATTGGAGTAGCTATACCAATGAAA
GCTACATTTTTTATGACATACATAATGGTTGACGGGTGGGCTGGCATCGCGAACGAGATTCTTCGA
GTGAAGCCGCTGGTGATATACCACCTGAAGAACATGTTTATTGTGAAGACGGAGCGGGACAGGGAG
AGGGCAATGGATCCGGGCAGCATTGGGCTTGCAGAGAACCTCCCATCACTGCAGCTGTATTTTCTT
CTTGGGCTTGTGTATGCTGTGGTCACCCCCATTCTCCTCCCTTTCATTATCATCTTCTTTGCCTTC
GCTTTCCTCGTGTACAGACACCAGATCATCAACGTGTACAACCAAGAATACGAGAGTGCTGCTGCG
TTTTGGCCTCAGGTGCACTCTCGCATAATAGCGAGCTTGCTGATCTCGCATGTAACTCTGTTTGGG
CTGATGAGCACCATGAAGGCTGCCTACTCCACCCCGCTGCTTATCTTTCTGCCACTCCTCACCATA
TGGTTCCACAAGTACTGCAAGAGCCGTTTCGAGCCTGCTTTCCGCAAGTACCCTCTAGAGGAAGCG
ATGGAGAAGGACAATCTGGAGCGCACGTCGGAGCCAAACCTGAACCTCAAATCGTACCTGCAGAAC
GCTTACCTGCACCCCATTTTCCACATGTTTGAGCAGCAGCAGCAGCAGGAGCAGGAGCAGCAACGG
GAGGAGAAGGTAGAGGTGCGAATCGACAAGGCGCAGCAACATCATCATCGGCAGGTAGAGGAGGAA
GAGGAGGAGAGCAAGAGCAGCCAGGCTACAACACACTACTACCACCATCACCATGAGCAGACCACA
ACGACGACACACCACCATTACCATCAGCATGAGCATATGAGCCACTACCACATGGGCCCCTCCGAC
ACAGCTGACTCACCCTCGCCGCCGCACTTTGTCTACCATTATGGCGTCGACCCTTGA

SEQ ID NO: 427, proteína - Oryza sativa

MATLFDLGVSAFINILGAFVFLLIFAALRLQPINDRVYFPKLYLTGQRRHHPHPHGFVNLDLCSYL
RFLAWVPGALRMSQPDLIHHAGLDSAVYLRIYTLGLKIFLPIMTVALLVLIPVNVSGGTLLNLRKE
IVFSDIDKLSISNVNPGSNRFFIHLIMAYVFTFWTCFMLYKEYSNVAFMRLHFLASQKRCADQFTV
IVRNIPHVSSHSTSETVDEFFRRNHPDHYLGQQAVYNANRYAKLVKKKERLQNWLDYYQLKFERHP
GKRPIGRTGCLGFCGREVDQIDYYRARISELDKKLASERQRVLNDPKAVMFVAFVTFDSRWGAAVC
AQTQQSKNPTQWLIDWAPEPRDVYWQNLAIPFFSLSIRKFLISIAVFALVFFYMIPIAFVQSLANL
EGIEKVAPFLRPVIDTFVVKSFLQGFLPGLALKIFLYILPTVLMIMSKVEGYVSLSSLERRAASKY
YYFMLVNVFLGSIIAGTAFEQLNAFFHQPPSQIPRTIGVAIPMKATFFMTYIMVDGWAGIANEILR

FIGURA 24 cont.

VKFLVIYHLKNMFIVKTERDRERAMDPGSIGLAENLPSLQLYFLLGLVYAVVTPILLPFIIIFFAF
AFLVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPQVHSRIIASLLISHVTLFGLMSTMKAAYSTPLLIFLPLLTI
WFHKYCKSRFEPAFRKYPLEEAMEKDNLERTSEPNLNLKSYLQNAYLHPIFHMFEQQQQQEQEQQR
EEKVEVRIDKAQQHHHRQVEEEEEESKSSQATTHYYHHHHEQTTTTTHHHYHQHEHMSHYHMGPSD
TADSPSPPHFVYHYGVDP

SEQ ID NO: 428, DNA - Oryza sativa

ATGATTCTGTCGGCGCTCGCGACTTCGGTGGGGATCAACCTGGGGCTGACGGTGCTCCTCGCGGCG
GCGTACACGCTGCTCCGGCGGCGCCCGCCGTACGTCGCCGTGTACTCGCCGCGGCGGCCGTACGCG
CCGCCGGAGCCGTGGCTGCCCGCGGCGTGGCGCCGCACCGAGGCCGACGTCCACGCCGCCGCCGGG
CTCGACGGCGTCGTCTTCCTCCGCATCTTCGTCTTCAGCATTAGGGTGTTCGCGGCGGCGGCGGTG
GTGGGGGTGGGAGTGCTGATGCCGGTGAACTTCATGGGGGACCAGCTGCGGCAGATTGACTTCTCC
GATCTGCCCAACAAGTCCGTCGATCTCTTCAGCGTCTCCAACGTGCAGGATGGCTCCAACAAATTG
TGGCTCCACTTTTCGGCTGTGTACATCATAACTGGAATTACATGCTACCTCCTTTATTATGAATAC
AAATATATTTCTGGCAAGAGGCTCGAATATTTTATGACATCAAAACCACTACCTCAGCATTTCACA
GTTCTAGTTCGAGCTATACCTGTAACCAATGGTGTGTCTGTGAGTGATGCTGTTGATAAGTTCTTC
AAAGAGTACCATTCATCTACCTACTTGTCACACACTGTTGTTCATCAAACTGGCAAACTCCGCCGC
CTTCTTAATGACGCTGAGAATATTTGCACAAAGCTTGCCAACTTGAAGTCTGTACGGCGTACTTCT
GGAGATCCTCCAGGAAAATTTCTTGGAATATTTGGCAGAAATGATCTTGTTGGGAAATATCAGAAA
AGGCTGGAGGACCTAGAAGAAAATGTTAGAATGGAACAATCAGACACTACTAGGAGCAGACAGGAA
GTTCCCGCTGCTTTTGTGTCATTCAGATCTCGATATGGTGCTGCAAATGCTATTTACATAAGACAA
TCAGACAAGCCTACTGAGTGGCAGACTGAGCATGCTCCTGATCCCCATGACGTTTATTGGCCTTTC
TTTTCAACATCATTCATGGACAGATGGATATCCAAGTTTGTAGTCTCTGTAGCTTCTATTCTCCTG
ATACTCGTCTTTCTCCTAGTTTCGGCATTTGTTCAAGGACTCACCTATATGGAACAGCTAGAGACA
TGGTTGCCTTTCCTGAGAAATATACTGGAAATAGCTGTTGTCAGTCAGTTGGTTACAGGATATCTT
CCCAGTGTCATTCTTCACTTTCTTTCCTCTTATGTGCCCTCTATAATGAAGCTGTTTTCAACAATG
CAAGGATTCATCTCTGTTAGTGGGATTGAGAGAAGTGCTTGCAACAAAATGCTTCGGTTTACAATA
TGGAGTGTGTTCTTTGCAAATGTTCTTACTGGCTCAGTACTTGGTCAACTCGAGATATTCCTTGAT
CCGAAGGAAATCCCTAAAAGGCTTGCAGTTGTTGTACCAGCACAGGCCTCTTTCTTTATTACATAT
GTTGTGACATCTTGGACAAGTATAGCATCAGAACTTACTCAAACTGCTGCCCTTTTATTCCATTTG
TGGGGTAGCTGTGCAAAATGCTGCAAGAGGGATGAGTCCAAACCTCCATCAATGCATTACCATAGT
GAAATTCCTCGGGTTCTCCTGTTTGGACTTCTTGGGCTCACATACTTCATTGTATCCCCACTTATC
CTCCCATTTGTACTGGTTTACTTCTGCCTTGGCTACTTCATATATCGTAATCAGCTTTTTAATGTA
TATTCACCCAAGTATGACACTGGTGGAAGATTCTGGCCCATTGTGCACGGGGGAACAATATTTTCT
CTGGTGCTGATGCATGTTATTGCAATTGGAGTATTTGGATTGAAGAAACTTCCCCTTGCATCAAGT
TTGCTGGTACCTCTTCCAGTGCTGACCCTTCTGTTCAATGAATACTGCCGGAACAGATTTTTACCG
ATCTTCGAAGCATATTCTACTGAGTCATTGATAAAGAAAGACAGAGAAGAAGAGAGCAAACCAGAA
ATGGCAGAATTCTTCAGCAATCTTGTAAATGCGTACTGTGACCCGGCGATGAAACCTATCCAACAC
TCCTCGAATTCAGATGAACGCACTACACCTCTATTGTCTTAG

SEQ ID NO: 429, proteína - Oryza sativa

MILSALATSVGINLGLTVLLAAAYTLLRRRFPYVAVYSPRRPYAPPEPWLPAAWRRTEADVHAAAG
LDGVVFLRIFVFSIRVFAAAAVVGVGVLMPVNFMGDQLRQIDFSDLPNKSVDLFSVSNVQDGSNKL
WLHFSAVYIITGITCYLLYYEYKYISGKRLEYFMTSKPLPQHFTVLVRAIPVTNGVSVSDAVDKFF
KEYHSSTYLSHTVVHQTGKLRRLLNDAENICTKLANLKSVRRTSGDPPGKFLGIFGRNDLVGKYQK
RLEDLEENVRMEQSDTTRSRQEVPAAFVSFRSRYGAANAIYIRQSDKPTEWQTEHAPDPHDVYWPF
FSTSFMDRWISKFVVSVASILLILVFLLVSAFVQGLTYMEQLETWLPFLRNILEIAVVSQLVTGYL
PSVILHFLSSYVPSIMKLFSTMQGFISVSGIERSACNKMLRFTIWSVFFANVLTGSVLGQLEIFLD

FIGURA 24 cont.

PKEIPKRLAVVVFAQASFFITYVVTSWTSIASELTQTAALLFHLWGSCAKCCKRDESKPPSMHYHS
EIPRVLLFGLLGLTYFIVSPLILPFVLVYFCLGYFIYRNQLFNVYSPKYDIGGRFWPIVHGGTIFS
LVLMHVIAIGVFGLKKLPLASSLLVFLPVLTLLFNEYCRNRFLPIFEAYSTESLIKKDREEESKPE
MAEFFSNLVNAYCDPAMKPIQHSSNSDERTTFLLS

SEQ ID NO: 430, DNA - Oryza sativa

ATGAAAATCAGCGGACTTCTGACCTCTGCTGGCATCAATATCGCTCTTTCTGTGCTGTTTATATCG
CTCTATTCTGTTCTGAGGAAGCAGCCAGCCAATGTCAGGGTCTACTTTGGGAGGAGGATTGCCGAG
GAGCATAATCGGCTCCGAGAAGCTTTTATCTTGGAGAGATTTGTACCATCTACTGGCTGGATAGTA
AAAGCCCTGCAGTGTACCGAGGAAGAGATCTTGGCTGCTGCTGGGCTAGATGCTGTTGTTTTCAAT
AGAATTCTAGTATTCAGCTTACGCATCTTCTCTCTAGCTGCCATTCTGTGTGTGTTTGGAATTCTA
CCACTGAACTACTTTGGGCAAGATATACATCATGTTCGGATTCCTTCAGAATCATTGGATATCTTT
ACAATTGGGAATGTGAAAGTGAGATCAAGATGGCTTTGGGTCCATTGTGTAGCCTTGTACATAATA
TCAGGAGTAGCTTGCATTCTCCTATATCTTGAGTACAAGCACATTGCTAGGCTGAGGCTCCGTCAT
CTTACTTGTGCAATGCCCAATCCAAGCCATTTTACTGTCCTTGTTCGTGGAATACCAAAGGAAACC
AAAGAATCATGCAGTAATGCTATTGATGATTTCTTCACCAAGTACCATGGATCAAGCTACCTGTTC
CATCAAGTTGTTTACAAAGTTGGAAAAGTTCAGAAGATAATGACTGGTGCTAAGAAGGCATACAGG
AAATTCAAACATTTTACAGACAGCACTATTGATCAGAGGTGTCGAGCAATTTCATACCGGTGCTGT
CTGTGCGGAGCCTCATCTAATTCTTTCCAGCTGTTGGCAACTGGGCTTGAGCAGAATCAGGGGAAA
TCTGACCTTCAAGATTCCAGCTTGAAACTAGATGATCAGGAATGTGCAGCTGCTTTTGTATATTTC
AGAACTCGGTATGCTGCTCTTGTTGCCTCAGAAATACTCCAAACATCTAACCCTATGAAATGGGTT
ACTGATCTAGCTCCAGAACCAGATGATGTGTATTGGTCAAATCTTTGGCTACCTTATAAGCAGCTT
TGGATTCGCCGAATAGCTACGCTCCTTGGTTCAATTGTTTTTATGTTATTCTTTCTGATACCAGTG
ACATTTATACAAGGACTATCTCAGCTAGAGCAGTTGCAGCAGAGGCTTCCTTTCCTGAAGGGGATA
CTGGAGAAGAAATACATGAGCCAGCTTGTAACTGGGTACCTTCCCAGTGTCATACTGCAAATATTT
TTATATGCCGTTGCACCGATAATGATATTATTTTCTACATTAGAGGGCCTATATCTCACAGTGAA
AGGAAGAGGAGTGCTTGCTGTAAAGTGCTGTACTTCACTGTTTGGAACATATTCTTTGGAAATGTA
CTATCTGGTACTGTCATAAGCCAATTGAATGTGTTATCAAGCCCAAAGGACATCCCTGTCCAGCTT
GCTAGAGCTATACCTGTCCAGGCTACCTTCTTTATCACCTATGTTCTGACATCAGGATGGGCCAGT
TTATCATCTGAACTTATGCAATTATTTGGTTTAATATGGAACTTTGTGAGGAAATATATTCTACGT
ATGCCAGAAGACACAGAGTTTGTTCCCTCATTCCCATATCACACAGAAGTGCCAAAAGTTTTGCTG
TTCGGACTACTGGGCTTCACATGCTCTGTACTGGCACCTTTGATCTTACCTTTTCTGTTAGTGTAC
TTCTTCCTTGGTTACATCGTGTACCGCAATCAGTTGCTCAATGTTTACCGCACAAGATATGACACA
GGGGGTTTGTACTGGCCAATCGCACACAACGCAGTGATATTCTCTCTCGTGCTCACACAGATTATC
TGCCTTGGTGTATTTGGCCTGAAAGAATCACCAGTAGCTGCAGGCTTCACCATACCTCTTATCATC
CTCACTCTGTTATTCAATCAGTATTGCAGAAATCGACTTCTCCCATTATTCAGAACTACCCCAGCA
CAGGATTTAATTGACATGGACAGGGAAGACGAACGGTCAGGAAGAATGGATGAAATTCACCACCGG
CTTCATTCTGCCTATTGTCAGTTCCACGACACTGAAGATATACCCTTGGAGAAAATTCAGACTGTC
GGGAGCGATGAGGAACAAGGGTGTAGCTCTGATAAGTCGAATGGAAAAGAAAGCTTCGAGGAACCC
AGAGCGGAGTTGTCTCACCCAACACTGAATGGACTCCCAGTTAGCCGTCTTCGGCATGCTGTGAAG
TCGATTACTTTCCTTGTCAGATTGCAGAAAAGAGGTTTGTCAGAATAG

SEQ ID NO: 431, proteína - Oryza sativa

MKISGLLTSAGINIALSVLFISLYSVLRKQPANVRVYFGRRIAEEHNRLREAFILERFVPSTGWIV
KALQCTEEEILAAAGLDAVVFNRILVFSLRIFSLAAILCVFGILPLNYFGQDIHHVRIPSESLDIF
TIGNVKVRSRWLWVHCVALYIISGVACILLYLEYKHIARLRLRHLTCAMFNPSHFTVLVRGIPKET
KESCSNAIDDFFTKYHGSSYLFHQVVYKVGKVQKIMTGAKKAYRKFKHFTDSTIDQRCRAISYRCC
LCGASSNSFQLLATGLEQNQGKSDLQDSSLKLDDQECAAAFVYFRTRYAALVASEILQTSNPMKWV

FIGURA 24 cont.

TDLAPEPDDVYWSNLWLPYKQLWIRRIATLLGSIVFMLFFLIPVTFIQGLSQLEQLQQRLPFLKGI
LEKKYMSQLVTGYLPSVILQIFLYAVAPIMILFSTLEGPISHSERKRSACCKVLYFTVWNIFFGNV
LSGTVISQLNVLSSPKDIPVQLARAIPVQATFFITYVLTSGWASLSSELMQLFGLIWNFVRKYILR
MFEDTEFVPSFPYHTEVPKVLLFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYIVYRNQLLNVYRTRYDT
GGLYWPIAHNAVIFSLVLTQIICLGVFGLKESPVAAGFTIPLIILTLLFNQYCRNRLLPLFRTTPA
QDLIDMDREDERSGRMDEIHHRLHSAYCQFHDTEDIPLEKIQTVGSDEEQGCSSDKSNGKESFEEP
RAELSHPTLNGLPVSRLRHAVKSITFLVRLQKRGLSE

SEQ ID NO: 432, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGATGTCTCAGCACTTTTAACGTCTGCTGGGATTAATATAGCGATATGCGTAGTGCTTGTATCG
CTTTATTCCATTCTACGAAAGCAGCCAGCCAATTATTGTGTTTACTTTGGTCGATTGCTTTCTGAC
GGAAGAGTTAAACGTCATGATCCTCGTTGGTATGAGAGGTTCGCGCCCTCTCCTAGTTGGCTCGTG
AAAGCTTGGGAAACCACTGAGGAAGAGATGTTGGCTGCTGCTGGTCTGGATGCTGTGGTTTTCATC
AGGATGGTCATTTGCAGCATTCGTATTTTCTCAATCGTCGCAGTCGTTTGCCTTGCCTTTGTGTTA
CCTGTTAACTATTATGGACAAAAGATGGAGCACAAGGAAGTCCATTTGGAGTCATTGGGAGTATTC
ACAATTGAGAACCTTAATCCACGCTCACGATGGCTCTGGGTTCATTGTCTCTCATTGTACATCATA
TCCTCTGCAGCATGTGCTCTTCTTTACTTTGAGTATAAGAACATAGCCAAAAAGAGGCTTGCCCAT
ATTAGTGGATCTGCCTCAAAGCCAAGTCATTTTACTGTTCTTATTCGTGCTATTCCTCAGTCTCCT
GACCAGTCCTACAGCGAGACAGTGAGCAAATACTTTACAAATTACTATGCACCAAGCTATGTGTCG
CACCTAATGGTCTACCGTGATGGCTTCATTCACAGACTGATGAATGAGACGGAGAGGATGTGTCAG
GCTATAAAACATGTTTCTCCTGATTTAAGTTGTAATCCGAGTTTGAAGTCATGCGTCCTTTGTGGA
CCTGCAGCCACAAATTCTTTTCAAATCATCTCGAACGAGACAGACAGTGTCAAAGGATTGGAGCTT
GGTGAGTTGACTTTGACTACGACAGAGGAAGAACGTCCCGTTGCTTTTGTGTTTTTCAAGAGTCGT
TATGATGCTCTTGTTGTTTCAGAAGTTCTTCAAACACCAAATCCTATGTTATGGGTGGCAGACTTG
GCTCCAGAGCCTCATGATGTTCACTGGAGAAATCTCAGAATACCTTATCGGCAGCTTTGGATGCGA
AGAATAGCAACCCTTGTTGGTGCAATTGCCTTCATGTTTGTGTTTCTTTTTCCTGTTACCTTTGTT
CAAGGGCTGACTCAACTACCAACGTTATCCAAGAATTTTCCTTTTCTAAAAGACCTCTTGAACAGG
AGGTTTATGGAGCAGGTCATCACAGGGTATTTACCAAGTGTGATTTTGGTTCTATTCTTTTATACC
GTTCCGCCATTGATGATGTACTTTTCAACCTTGGAGGGATGTGTTTCTCGGAGTCAAAGAAAAAAA
AGTGCATGTCTCAAAATTTTATACTTCACCATCTGGAATGTGTTCTTCGTCAATATTCTATCAGGC
TCTGTTATCAGGCAGTTTACCGTCTTGAATAGTGTGAGGGACGTACCTGCACAACTTGCGAAACTT
GTTCCAGCACAGGCTGGCTTCTTCATGACCTATTGTTTCACGTCTGGTTGGGCCGGTTTGGCATGT
GAAATCATGCAACCTGTAGGTCTTATTTGGAATCTGATTGCAAAAGTTATTGTTAAGAACAAGGAG
GAGTCATATGAAACACTTAGGTTTCCCTACCATACAGAAATTCCAAGACTACTTTTGTTCGGGCTC
CTGGGTTTCACCAATTCAGTCATAGCGCCTCTGATACTGCCGTTTCTGCTGATCTACTTTTTCTTC
GCATATCTTATATACAAAAATCAGATAATCAACGTCTATATTACAAAGTATGAAAGCGGTGGACAA
TATTGGCCTGTTTTTCACAACACTACAATCTTTTCACTGATCTTGTCGCAAGTTATAGCTCTAGGC
TTTTTCGGGTTAAAGCTATCAACGGTTGCTTCAGGTTTCACCATCCCGTTAATCCTTCTCACTCTT
CTATTTAGTGAGTATTGCCGGCAAAGGTTTGCGCCCATATTCCAGAAATATCCAGCCGAGATTCTT
ATCGCTATGGACAGAGCAGATGAGATGACAGGAAAGATGGAAGAGATACATAACAACTTGAAAGTT
GCATACTCTCAGATACCAACGTGTTCTGAAGAATCCAGCAAAGCTGGTTGCACTTCTCCTTGCTCA
GATCAGGAGTTACCAGATTCTGAAGAGTTGAAGCCTGAGAAAGAGAATCTTAAAGCTGATTACATA
TGGGAGTTCCAGAGAAGTAAATCTGGTCTTGATCTTGAGGTGAAATCCTGTCCCAGTGCTTCCCCA
ATTCGTAATTCCCCAGGGTTTGCCGAGATCTACAAACGAACATAG

SEQ ID NO: 433, proteína - Arabidopsis thaliana

MDVSALLTSAGINIAICVVLVSLYSILRKQPANYCVYFGRLLSDGRVKRHDPRWYERFAPSPSWLV
KAWETTEEEMLAAAGLDAVVFIRMVICSIRIFSIVAVVCLAFVLPVNYYGQKMEHKEVHLESLGVF

FIGURA 24 cont.

TIENLNPRSRWLWVHCLSLYIISSAACALLYFEYKNIAKKFLAHISGSASKPSHFTVLIRAIPQSP
DQSYSETVSKYFTNYYAPSYVSHLMVYRDGFIHRLMNETERMCQAIKHVSPDLSCNFSLKSCVLCG
PAATNSFQIISNETDSVKGLELGELTLTTTEEERPVAFVFFKSRYDALVVSEVLQTPNPMLWVADL
APEPHDVHWRNLRIPYRQLWMRRIATLVGAIAFMFVFLFFVTFVQGLTQLPTLSKNFPFLKDLLNR
RFMEQVITGYLPSVILVLFFYTVPPLMMYFSTLEGCVSRSQRKKSACLKILYFTIWNVFFVNILSG
SVIRQFTVLNSVRDVFAQLAKLVPAQAGFFMTYCFTSGWAGLACEIMQPVGLIWNLIAKVIVKNKE
ESYETLRFPYHTEIPRLLLFGLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFFAYLIYKNQIINVYITKYESGGQ
YWPVFHNTTIFSLILSQVIALGFFGLKLSTVASGFTIPLILLTLLFSEYCRQRFAPIFQKYPAEIL
IAMDRADEMTGKMEEIHNNLKVAYSQIPTCSEESSKAGCTSPCSDQELPDSEELKPEKENLKADYI
WEFQRSKSGLDLEVKSCPSASPIRNSPGFAEIYKRT

SEQ ID NO: 434, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCAACACTAGGAGATATTGGAGTAGCAGCAGCAATCAACATACTCACTGCAATCATCTTCCTT
TTGGCATTTGCAATCTTGAGGATTCAACCATTCAACGATAGGGTTTATTTCCCTAAATGGTATCTC
AAAGGTATAAGAAGCAGCCCTTTGCATTCAGGTGCTCTTGTCAGCAAGTTTGTCAATGTTAACTTA
GGCTCATACCTCCGGTTCTTGAACTGGATGCCCGCGGCTCTAAAGATGCCTGAGCCTGAGCTTATT
GATCATGCTGGATTGGATTCTGCTGTCTACTTGAGGATTTACTTGATAGGGCTTAAGATCTTTGTA
CCGATAGCGTTACTTGCTTGGTCGATTCTTGTACCTGTCAATTGGACTAGTCATGGTCTGCAACTA
GCTAAGCTTCGTAATGTGACATCTAGTGATATTGATAAGTTATCCATCTCGAATATCGAAAATGGA
TCAGACAGGTTTTGGACTCACCTTGTGATGGCTTACGCATTCACATTCTGGACTTGCTATGTTCTT
ATGAAAGAGTATGAGAAAGTAGCTGCTATGCGTTTGGCATTTCTCCAGAACGAGCAACGGCGCCCT
GATCAGTTCACGGTTTTGGTTAGGAACGTACCAGCGGACCCAGATGAGTCCATTAGTGACAGTGTG
GAACATTTCTTTCTAGTTAACCATCCGGACCATTATCTTACGCATCAGGTTGTGTACAATGCAAAC
GATTTGGCAGCATTAGTAGAGCAGAAGAAGAGCACACAGAACTGGCTTGACTATTACCAATTGAAG
TATACAAGGAACCAGGAACATAAGCCGAGGATAAAGACGGGTTTTCTCGGGCTATGGGGAAAGAAA
GTTGACGCAATCGATCATTATATAGCTGAAATCGAGAAATTAAACGAGCAAATAATGGAGGAGAGG
AAAAAAGTGAAGAAAGATGATACAAGTGTAATGCCAGCCGCTTTTGTCTCGTTTAAAACACGGTGG
GGTGCTGCGGTTAGTGCACAGACTCAACAGTCGAGTGATCCGACTGAATGGTTAACTGAATGGGCT
CCCGAGGCACGAGAAGTGTTTTGGTCGAACCTTGCAATACCTTATGTCTCTTTAACACATCGAAGG
CATTGA

SEQ ID NO: 435, proteína - Arabidopsis thaliana

MATLGDIGVAAAINILTAIIFLLAPAILRIQPFNDRVYFPKWYLKGIRSSPLHSGALVSKFVNVNL
GSYLRFLNWMPAALKMPEPELIDHAGLDSAVYLRIYLIGLKIFVPIALLAWSILVPVNWTSHGLQL
AKLRNVTSSDIDKLSISNIENGSDRFWTHLVMAYAPTFWTCYVLMKEYEKVAAMRLAFLQNEQRRP
DQFTVLVRNVPADPDESISDSVEHFFLVNHPDHYLTHQVVYNANDLAALVEQKKSTQNWLDYYQLK
YTRNQEHKPRIKTGFLGLWGKKVDAIDHYIAEIEKLNEQIMEERKKVKKDDTSVMPAAFVSFKTRW
GAAVSAQTQQSSDPTEWLTEWAPEAREVFWSNLAIPYVSLTHRRH

SEQ ID NO: 436, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGAGTTTGGATCTTTTCTTGTGTCCTTAGGGACATCTTTTGTTATCTTCGTCATTCTCATGCTT
CTCTTCACCTGGCTTTCTCGCAAATCTGGAAATGCTCCCATTTATTACCCGAATCGGATCCTTAAA
GGGCTGGAGCCATGGGAAGGCACCTCCTTGACTCGAAACCCTTTTGCTTGGATGCGTGAAGCTTTG
ACTTCCTCTGAACAAGATGTCGTTAACTTATCCGGCGTCGATACTGCTGTCCACTTTGTCTTCTTG
AGCACTGTTCTGGGGATATTTGCTTGTTCCAGTCTTCTTCTCCTACCAACTCTACTGCCTCTAGCC
GCTACAGACAACAACATAAAGAACACAAAGAATGCGACAGATACCACAAGCAAAGGAACTTTTAGC
CAACTTGATAATCTATCAATGGCTAACATCACAAAAAAAAGTTCGAGGCTGTGGGCGTTCCTAGGA
GCTGTTTACTGGATATCTTTGGTCACATATTTCTTCTTGTGGAAAGCTTATAAGCATGTCTCTTCA

FIGURA 24 cont.

TTGAGAGCTCAAGCTCTGATGTCTGCTGATGTAAAACCCGAGCAATTCGCTATTCTTGTTAGGGAT
ATGCCTGCACCACCTGACGGGCAGACACAGAAAGAGTTTATTGATTCTTATTTCAGAGAAATATAC
CCTGAGACATTCTACAGATCGCTTGTCGCAACAGAAAACAGCAAGGTTAATAAAATATGGGAAAAA
TTGGAAGGTTACAAGAAGAAGCTTGCGCGAGCAGAAGCAATATTAGCAGCAACTAATAACCGTCCC
ACGAACAAAACCGGCTTCTGTGGGCTAGTCGGTAAACAAGTAGACAGCATTGAGTATTACACTGAG
CTAATCAACGAGTCTGTAGCCAAACTGGAAACAGAGCAGAAAGCGGTTCTTGCTGAGAAGCAGCAA
ACCGCAGCAGTGGTTTTCTTCACAACCAGGGTTGCTGCTGCATCAGCAGCTCAGTCTCTGCACTGC
CAGATGGTTGATAAATGGACTGTGACCGAAGCTCCTGAGCCACGGCAGCTCCTATGGCAGAATCTC
AACATCAAGCTCTTCAGCAGAATAATCCGGCAATACTTCATCTACTTCTTTGTTGCAGTGACCATT
CTGTTTTACATGATACCAATCGCGTTCGTCTCTGCCATCACCACTCTTAAGAATCTTCAGAGGATT
ATTCCGTTCATAAAGCCGGTTGTGGAGATAACCGCCATAAGAACCGTTTTGGAGTCTTTCCTTCCT
CAGATTGCGCTCATTGTTTTCTTGGCCATGTTGCCGAAGCTTCTCTTGTTTCTCTCCAAAGCCGAG
GGGATTCCTTCACAGAGCCATGCCATTAGGGCTGCTTCAGGGAAGTACTTTTACTTCTCGGTCTTT
AATGTCTTCATTGGTGTTACCCTTGCTGGGACTTTGTTCAACACAGTGAAGGATATCGCGAAAAAT
CCCAAACTCGACATGATTATTAACCTTTTGGCTACTAGCCTCCCTAAGAGCGCAACTTTCTTCCTG
ACCTACGTTGCTCTCAAGTTCTTTATCGGTTATGGCCTTGAGCTGTCTCGGATCATACCTTTGATA
ATCTTCCACCTGAAAAAGAAGTATCTCTGCAAAACCGAAGCGGAGGTCAAAGAAGCTTGGTACCCG
GGAGACTTAAGCTATGCGACTAGGGTTCCCGGAGACATGCTCATCCTCACAATCACGTTCTGCTAT
TCAGTCATTGCTCCTCTTATCCTCATATTCGGCATCACCTACTTTGGTTTAGGCTGGCTAGTCCTC
AGGAATCAGGCGTTGAAAGTGTACGTTCCATCATACGAGAGCTATGGAAGAATGTGGCCGCATATT
CACCAGCGCATACTAGCAGCGTTGTTTCTATTCCAAGTGGTAATGTTTGGCTACTTAGGAGCCAAG
ACATTCTTCTACACGGCCCTTGTGATCCCTCTCATTATCACCTCTCTCATCTTCGGATATGTGTGC
CGCCAGAAATTCTACGGAGGGTTCGAACACACAGCTCTCGAGGTAGCTTGCCGTGAGCTGAAGCAG
AGTCCAGACCTAGAGGAGATTTTCAGAGCATACATTCCGCATAGCTTGAGCTCTCACAAACCAGAA
GAACACGAGTTCAAAGGCGCAATGTCTCGTTATCAAGATTTCAACGCAATAGCAGGCGTTTAA

SEQ ID NO: 437, proteína - Arabidopsis thaliana

MEFGSFLVSLGTSFVIFVILMLLFTWLSRKSGNAPIYYPNRILKGLEPWEGTSLTRNPFAWMREAL
TSSEQDVVNLSGVDTAVHFVFLSTVLGIFACSSLLLLPTLLPLAATDNNIKNTKNATDTTSKGTFS
QLDNLSMANITKKSSRLWAFLGAVYWISLVTYFFLWKAYKHVSSLRAQALMSADVKPEQFAILVRD
MPAPPDGQTQKEFIDSYFREIYPETFYRSLVATENSKVNKIWEKLEGYKKKLARAEAILAATNNRP
TNKTGFCGLVGKQVDSIEYYTELINESVAKLETEQKAVLAEKQQTAAVVFFTTRVAAASAAQSLHC
QMVDKWTVTEAPEPRQLLWQNLNIKLFSRIIRQYFIYFTVAVTILFYMIPIAFVSAITTLKNLQRI
IPFIKFVVEITAIRTVLESFLPQIALIVFLAMLPKLLLFLSKAEGIPSQSHAIRAASGKYFYFSVF
NVFIGVTLAGTLFNTVKDIAKNPKLDMIINLLATSLPKSATFFLTYVALKFFIGYGLELSRIIPLI
IFHLKKKYLCKTEAEVKEAWYPGDLSYATRVPGDMLILTITFCYSVIAPLILIFGITYFGLGWLVL
RNQALKVYVPSYESYGRMWPHIHQRILAALFLFQVVMFGYLGAKTFFYTALVIPLIITSLIFGYVC
RQKFYGGFEHTALEVACRELKQSPDLEEIFRAYIFHSLSSHKPEEHEFKGAMSRYQDFNAIAGV

SEQ ID NO: 438, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGTCATTTTCAGCATTCGTATTTTCTTTATAGTTGCTGTTATTTGCATTGCCTTTGTGCTGCCT
GTTAATTATTATGGGCAACCGATGGTGCATAAGGAAATCCATTTGGAGTCATCCGAAGTGTTTACA
ATTGAAAATCTTAAAGAAGGCTCAAAATGGCTGTGGGTTCATTGTCTTGCACTGTACATTATAACC
TCAGCGGCATGTCTTCTGCTCTACTTTGAGTATAGCACCATAGCTAAAATGAGGCTTGGGCATATT
ACTGGATGTGCCTCAAAGCCAAGTCAATTTACCGTTCTTATCCGTGCTATTCCATGGTCTCCTGAG
CAATCTTACAGCGACACGCTGAGCAAATTCTTCACAAACTACTACTCGTCCAGCTACGTGTCCCAC
CAAATGGTCTACCATAATGGCATCATTCAGAGACTGCTGCGTGATGCGGAGAGGATGTGCCAGACT
CTAAAACACGTTTCTCCTGAAATCAATTGTAAACCGAGTTTAAGGCCATGCACCTTTTGTGGAGGA

FIGURA 24 cont.

CCTACAGCCACAAGTTCTTTTCATATCCTATCGAATGAGGCAGACAGTGTGAAAGGAATGGAGCTT
GGTGAGTTGACTATGACTACGACTACGACAGAGCAAGAACGTTCAGCTGCTTTTGTGTTTTTTAAG
ACTCGCTATGATGCTCTTGTTGTTTCGGAGGTTCTACAATCATCAAATCCTATGTTATGGGTGACA
GACTTAGCCCCAGAACCTCATGATGTGTACTGGAAGAATCTCAACATTCCTTATCGACAACTTTGG
ATACGGAAAATAGCAACCCTTGTTGGTGCAGTTGCTTTCATGTTTGTGTTTCTTATTCCCGTTACC
TTCATTCAAGGGCTGACTCAACTAGTGCAGCTGTCTCACGCATTTCCTTTTCTAAGAGGCATCTTG
AGCAAGAACTTTATAAACCAGGTCATCACAGGGTACTTACCCAGTGTGATCTTGATTCTATTTTTC
TATGCCGTTCCACCATTGATGATGTATTTTTCGGCCTTGGAGGGATGTATTTCACGGAGTATAAGG
AAGAAGAGTGCTTGCATCAAAGTCTTATATTTTACCATTTGGAATGTGTTCTTCGTGAATATATTA
TCAGGGTCTGTTATCAGGCAACTGAATGTCTTTTCTAGTGTCAGAGACATACCTGCACAACTTGCT
AGAGCAGTGCCAACACAGGCTGGCTTCTTCATGACCTATTGTTTCACATCTGGTTGGGCCAGTTTG
GCTTGTGAAATAATGCAGCCTATGGCTCTTATCTGGAATCTGGTAGCAAAAGTTGTTACCAAGAAC
GAGGATGAGTCATATGAAACACTTAGGTTCCCATACCACACCGAAATTCCTCGGCTGCTTTTGTTT
GGGCTCCTGGGTTTCACCAATTCAGTCATAGCACCACTGATACTGCCGTTTTTGCTGATATACTTT
TTCCTTGCATATCTCATATACAAAAATCAAATACTCAACGTGTATATTACGAAGTACGAAAGCGGT
GGACAATACTGGCCTATTTTCCACAACACAACAATCTTTTCACTGATCTTGACACAGATTATAGCT
TTGGGGTTTTTCGGATTAAAGCTATCAACAGTTGCTTCGGGTTTCACCATACCGTTAATTCTTCTC
ACGTTACTTTTTAGTGAGTATTGTCGGCAGAGGTTTGCGCCCATTTTCAACAAAAATCCTGCCCAG
GTTCTCATAGATATGGACAGAGCTGATGAAATATCAGGAAAGATGGAAGAGTTACATAAAAAATTG
CATAATGTATACTCGCAGATACCATTACACTCTCAGAAATCATCGAGTAAAGCTGAATGTAGTAAT
CCTTTCAAAAAGCAGGAGTTACCAGATCCTGAAAAATTGAAGCCAGAGGAGGGGGATGCGATAGCT
AAAGAGTTATGGGGATTCCAAGGCAATGAATCTGGTCAAGAACATGACACTAAGTCCTGA

SEQ ID NO: 439, proteína - Arabidopsis thaliana

MVIFSIRIFFIVAVICIAFVLFVNYYGQPMVHKEIHLESSEVFTIENLKEGSKWLWVHCLALYIIT
SAACLLLYFEYSTIAKMRLGHITGCASKFSQFTVLIRAIPWSPEQSYSDTLSKFFTNYYSSSYVSH
QMVYHNGIIQRLLRDAERMCQTLKHVSPEINCKPSLRPCTFCGGPTATSSFHILSNEADSVKGMEL
GELTMTTTTTEQERSAAFVFFKTRYDALVVSEVLQSSNFMLWVTDLAPEPHDVYWKNLNIPYRQLW
IRKIATLVGAVAFMFVFLIPVTFIQGLTQLVQLSHAFPFLRGILSKNFINQVITGYLPSVILILFF
YAVPPLMMYFSALEGCISRSIRKKSACIKVLYFTIWNVFFVNILSGSVIRQLNVFSSVRDIPAQLA
RAVPTQAGFFMTYCFTSGWASLACEIMQPMALIWNLVAKVVTKNEDESYETLRFPYHTEIPRLLLF
GLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFLAYLIYKNQILNVYITKYESGGQYWPIFHNTTIFSLILTQIIA
LGFFGLKLSTVASGFTIPLILLTLLFSEYCRQRFAPIFNKNPAQVLIDMDRADEISGKMEELHKKL
HNVYSQIPLHSQKSSSKAECSNPFKKQELPDPEKLKPEEGDAIAKELWGFQGNESGQEHDTKS

SEQ ID NO: 440, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCGACATTAGCAGATATTGGACTAGCAGCAGCGATTAATATTCTAAGTGCATTGATATTTCTA
TTGCTATTTGCAATCTTGAGGATTCAACCATTCAATGATAGGGTTTATTTCCCTAAATGGTACTTA
AAAGGTGTTAGAAGCAGCCCTGTGAATTCGGGTGCTTTCGTTAGCAAGATTATGAATTTGGACTTT
CGATCATACGTTCGGTTTTTAAACTGGATGCCTGATGCTCTTAAGATGCCAGAGCCTGAACTTATT
GATCATGCTGGTTTGGATTCTGCTGTTTACTTGAGGATTTACTTGATTGGGCTTAAGATCTTTGGT
CCGATTGCATTACTTTCATGGTCAATTTTAGTACCTGTAAATTGGACAAGTGATGGATTGCAGCTA
GCAAAACTTCGTAATGTAACATCGAGTAATATCGATAAGCTTTCGATTTCGAATGTCGAACGTGGA
TCAGACAGGTTTTGGGCACATCTTGTGATGGCTTATGCATTCACATTTTGGACTTGCTATGTACTA
ATGAAGGAATATGAGAAAATTGCTGCAATGCGGTTATCTTTTCTCCAATCAGAGAAGCGACGTGCT
GATCAATTCACTGTTCTGGTTAGGAACGTACCACCGGACTCAGACGAGTCGATTAGCGAAAACGTG
CAGCATTTCTTTCTTGTTAACCACCCAGACCATTATCTTACACATCAGGTGGTGTACAATGCAAAT
GAATTGGCTAAATTGGTAGAAGACAAGAAGAAAATGCAGAATTGGTTAGATTACTACCAGTTGAAG

FIGURA 24 cont.

TATACAAGAAACAAGGAACAACGGCCACGGATGGGATTTCTCGGGCTATGGGGCAAAAAAGTAGAT
GCAATGGATCATTATACAGCAGAGATCGAGAAACTTAGCGAGCAAATAATGGAAGAAAGGAAGAGG
ATAAAGAAAGATGACAAAAGTGTAATGCAAGCAGCTTTTGTGTCTTTTAAAACGCGTTGGGGCGCT
GCGGTCTGCGCGCAGACACAACAGACGAAGAATCCAACTGAATGGTTAACCGAATGGGCTCCTGAG
GCAAGAGAAATGTACTGGCCAAATCTCGCAATGCCTTACGTATCTCTCACTGTAAGGAGATTTGTA
ATGCACATCGCCTTCTTCTTCCTCACGTTCTTTTTCATCATCCCAATCGCATTTGTGCAATCCTTA
GCGAGTATTGAAGGTATCGAGAAATCCGCTCCGTTCCTCAGTCCCATTGTCAAAAACAAGTTAATG
AAATCATTGATCCAAGGTTTTCTTCCCGGTATTGTCTTGAAGCTCTTTTTGATATTCCTGCCAACA
ATATTGATGATCATGTCGAAATTCGAAGGGTTTATTTCAATATCATCGTTAGAGAGAAGAGCGGCT
TTTCGATACTATATTTTCAACCTTGTGAATGTTTTCCTCGGTAGCGTAATCACTGGATCTGCTTTT
GAACAGCTCGATTCTTTTCTTAAACAATCCGCAAACGACATTCCGCGGACAGTTGGAGTCGCGATA
CCGATAAAAGCAACGTTCTTTATAACGTATATAATGGTAGACGGTTGGGCGGGTGTGGCGGGAGAA
ATCTTTAGGCTGAAACCATTAGTCATTTTCCATTTAAAGAACTTCTTCTTTGTGAAAACTGAAAAG
GATAGAGAAGAAGCTATGGATCCGGGACAGATTGATTTCTACGCTACCGAGCCTCGGATTCAACTA
TACTTCCTCCTTGGCCTTGTCTACGCTCCTGTCACTCCTGTTCTTCTTCCTTTCATCATCTTCTTC
TTTGGTTTCGCCTACCTCGTCTTCCGTCATCAGAAGTATGAGAGTGCGGGTGCATTCTGGCCAGAC
GTTCATGGACGTATAATATCGGCATTGATCATCTCACAAATCCTTTTGTTGGGATTAATGAGCACG
AAAGGAAAAGTTCAGTCCACACCTTTCCTCCTCGTTCTAGCGATTCTCACCTTCGGTTTTCATCGG
TTTTGCAAAGGCCGGTACGAATCGGCATTCGTCATTAACCCGTTGCAGGAAGCTATGATTAAGGAT
ACATTGGAACGAGCAAGAGAACCAAACTTGAATCTTAAAGGGTTTCTTCAGAATGCATATGTTCAT
CCTGTTTTTAAAGACGAAGAAGATTCAGATGAAGAGGGACTAATCGAGGATTCAGATGACGAAGAT
TGTGTAGTTGTACAAACCAAACGTCAAAGATCACGGAGAACCACCGTTGCGAGCAGCAATGCGAGC
CGTGGCTCGTCACAATCAACGCCTTTTAATCAACTTGATTTGGGTAAGGGGAAACCGGAGACTTGA

SEQ ID NO: 441, proteína - Arabidopsis thaliana

MATLADIGLAAAAINILSALIFLLLFAILRIQPFNDRVYFFKWYLKGVRSSPVNSGAFVSKIMNLDF
RSYVRFLNWMPDALKMPEPELIDHAGLDSAVYLRIYLIGLKIFGPIALLSWSILVPVNWTSDGLQL
AKLRNVTSSNIDKLSISNVERGSDRFWAHLVMAYAFTFWTCYVLMKEYEKIAAMRLSFLQSEKRRA
DQFTVLVRNVPPDSDESISENVQHFFLVNHPDHYLTHQVVYNANELAKLVEDKKKMQNWLDYYQLK
YTRNKEQRPRMGFLGLWGKKVDAMDHYTAEIEKLSEQIMEERKRIKKDDKSVMQAAFVSFKTRWGA
AVCAQTQQTKNPTEWLTEWAPEAREMYWPNLAMPYVSLTVRRFVMHIAFFFLTFFFIIPIAFVQSL
ASIEGIEKSAPFLSPIVKNKLMKSLIQGFLPGIVLKLFLIFLPTILMIMSKFEGFISISSLERRAA
FRYYIFNLVNVFLGSVITGSAFEQLDSFLKQSANDIPRTVGVAIPIKATFFITYIMVDGWAGVAGE
IFRLKPLVIFHLKNFFFVKTEKDREEAMDPGQIDFYATEPRIQLYFLLGLVYAPVTFVLLPFIIFF
FGFAYLVFRHQKYESAGAFWPDVHGRIISALIISQILLLGLMSTKGKVQSTPFLLVLAIILTFGFHR
FCKGRYESAFVINPLQEAMIKDTLERAREPNLNLKGFLQNAYVHPVFKDEEDSDEEGLIEDSDDED
CVVVQTKRQRSRRTTVASSNASRGSSQSTPFNQLDLGKGKPET

SEQ ID NO: 442, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCTTTTGTCTGCACTTCTTATGTCTGTTGGGATAAACTCTTGCCTATGTGTATTACTCTTCATT
CTTTACTCTGTACTGAGGAAGCAGCCACGAAACTACGAGGTTTTTTTACCTCGCAGACTCGCGAAT
GGGACGTATAAACGTAGACGCAACAAAGTAGCAAGGTATATACCTTCTCTTAAATGGATTTGGAAA
TCATGGAGACCAACAGAAAAGGAACTTATGGAATCATCTGGCTTGGATGGTGTTGTGTTTATGAGA
ATGATCACTTTTAGTTTGAAAGTGTTCTTGTTTGCTGGTATCATTGGTGTTTTTGTTCTCTTGCCT
GTGAACTGCTTTGGAGATCAACTTACAGTGATTGATTACGCTGACTGGTCAGCCAATTCTTTGGAT
CTGTTTTCTGTTGCAAACCTCAAAGTCCGCTCACAATGGCTATGGGTTCACTTTGGAGCTATATAT
CTTGTGACTGTATTTGTTTGCTGTCTTCTTTACTTTGAATTCAGATATATTGCGTTGAAAAGGATT
GAGCATTTCTATTCATCTAAACCTAAGCCAGAACAGTTTACAATATTGGTTCGAAATATCCCCTCT

FIGURA 24 cont.

TCAGATGGAAGCAGTGTGAGCGACACTGTTGATAGGTTCTTTGGTGAAAATCATTCCTCTACCTAT
TTTTCTCATGTGGTTATCCATCGAACAAGTAAACTCCGAAGTGTCGTTGATAAGGCTAAAAAGTTA
TATAAAGAAGTGAAACATAAGAAGCCAGTTAAAAAGACGCCAATGAGATTCTTCAGTCGTAAAGAC
AATACTGAGGGTCACTATGAGAGTGTGTTACAGGAAATGGAACAGAACATACGATTGGGGCAAGCT
GAAGTTTCAGCACCTGGAAAGGAAGTTCGAGCTGCTTTTGTATCATTCAAGTCTCGATATGGTGCT
GCAACAGCACTCCACATGCCACAATCAATCAACCCTACTTACTGGCTCACAGAACCAGCACCAGAA
CCTCATGACGTACACTGGCCTTTCTTCTCTGCATCATTTATGCAGAAATGGCTTGCTAAAATTCTG
GTTGTGTTCGCTTGTCTCCTCCTTACTATCTTATTTCTTGTTCCAGTAGTACTTGTCCAAGGTCTC
ACCAACCTTCCTGCACTAGAATTTATGTTCCCGTTCTTGTCATTGATCCTATCAATGAAAGTTGTA
AGTCAAATAATAACTGGATACCTTCCAAGTCTTATACTTCAGACATCTCTCAAAGTCGTACCTCCA
ACCATGGAGTTTCTCTCTTCTATCCAAGGGCACATTTGCCACAGCGATATACAAAAGAGTGCTTGT
AACAAGGTGATCTGGTTCACTATATGGAATGTGTTTTTCGCAACTGTTTTCTCTGGATCAGCCTTC
TACAAGCTTTCTGTAATTCTCGATCCAAAGCAAATCCCGCTCAAGTTGGCTGTGGCTGTTCCAGCT
CAGGCTTCGTTTTTCATCGCTTATGTTGTGACAACAGGATGGACAGATACTCTGACTGAACTCTTC
CGTGTAGTTCCCTTCATGGTCAGTTACATAAAAAGATCTTTTGAACCGTCAGATGAAAATGAATTT
GTTGTACCGCCAATGCGGTACCACAGAGACACTCCTAGAGTTCTCTTCTTTGGGCTTCTTGGGATT
ACATACTTCTTCTTAGCTCCATTGATTCTTCCTTTCATCCTTTTATACTTTATCCTTGCATACATC
ATCTACCGAAACCAGTTTATGAATGTGTATGCTCCAAAGTTTGATACGGGTGGAATGTTTTGGCCA
ATGATACACTATACGATGATATTCTCTCTTGTACTTATGCAAGCAATTGCAATCGGTCTATTTGCG
CTAAAGAAGATGGAACTAGCTACATACTTGCTTGTCCCTCTTCCCGTTTTTACTCTTCTCTTTAAC
GAGTTCTGTCGTAAACGCTTCATGCCTATATTCACTGATTATCCTGCTGAGGTGTTGACAAAGAGA
GATAAGGAAGATAGAAACGATCCAACAATGCCCGAGTTTTACAATAACTTGGTCAGTGCGTACAAA
GATCCTGCTCTGCTCCCACTTAGATTCTCAGGATCAGGAAGCAGAAACGATAGCCTCACTAGTCCT
CTTCTCTCTTTTAGTGAGGTTTGA

SEQ ID NO: 443, proteína - Arabidopsis thaliana

MLLSALLMSVGINSCLCVLLFILYSVLRKQPRNYEVFLPRRLANGTYKRRRNKVARYIPSLKWIWK
SWRPTEKELMESSGLDGVVFMRMITFSLKVFLFAGIIGVFVLLPVNCFGDQLTVIDYADWSANSLD
LFSVANLKVRSQWLWVHFGAIYLVTVFVCCLLYFEFRYIALKRIEHFYSSKPKPEQFTILVRNIPS
SDGSSVSDTVDRFFGENHSSTYFSHVVIHRTSKLRSVVDKAKKLYKEVKHKKPVKKTPMRFFSRKD
NTEGHYESVLQEMEQNIRLGQAEVSAPGKEVRAAFVSFKSRYGAATALHMPQSINPTYWLTEPAPE
PHDVHWPFFSASFMQKWLAKILVVFACLLLTILFLVPVVLVQGLTNLPALEFMFPFLSLILSMKVV
SQIITGYLPSLILQTSLKVVFPTMEFLSSIQGHICHSDIQKSACNKVIWFTIWNVFFATVFSGSAF
YKLSVILDPKQIPLKLAVAVPAQASFFIAYVVTTGWTDTLTELFRVVFFMVSYIKRSFEPSDENEF
VVFPMRYHRDTPRVLFFGLLGITYFFLAPLILPFILLYFILAYIIYRNQFMNVYAPKFDTGGMFWP
MIHYTMIFSLVLMQAIAIGLFALKKMELATYLLVPLPVFTLLFNEFCRKRFMPIFTDYPAEVLTKR
DKEDRNDFTMPEFYNNLVSAYKDPALLPLRFSGSGSRNDSLTSPLLSFSEV

SEQ ID NO: 444, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGCTTCTGTCAGCACTTTTAACTTCAGTGGGAATCAATCTTGGCCTCTGTTTTCTCTTCTTCACT
TTGTATTCAATATTGAGAAAGCAGCCTAGTAATGTCACTGTATACGGTCCACGTCTTGTTAAAAAA
GATGGCAAGTCTCAGCAGTCAAATGAGTTCAACCTCGAGAGGCTTTTGCCTACTGCTGGTTGGGTC
AAAAGAGCATTGGAACCTACCAATGATGAAATCCTCTCCAATCTTGGCTTAGATGCTTTGGTCTTC
ATTCGTGTCTTTGTCTTCAGCATAAGAGTGTTTAGCTTTGCATCTGTGGTTGGGATCTTCATACTT
CTTCCAGTGAATTATATGGGAACAGAGTTTGAAGAGTTTTTCGACCTCCCAAAGAAGTCTATGGAT
AACTTCAGTATCTCTAATGTTAACGATGGATCAAATAAGCTGTGGATCCACTTTTGCGCAATATAC
ATCTTCACGGCGGTTGTTTGTTCTCTACTTTACTATGAGCACAAGTACATTTTAACAAAGCGGATT
GCTCATCTTTATTCATCCAAGCCTCAGCCACAAGAATTTACAGTTCTGGTCAGTGGCGTCCCTCTT

FIGURA 24 cont.

GTATCCGGGAACAGTATTAGTGAGACAGTAGAAAACTTTTTCAGGGAATATCATTCTTCCTCGTAT
CTTTCTCATATAGTTGTTCATCGGACAGACAAGTTGAAAGTTCTCATGAATGATGCTGAGAAGCTG
TACAAGAAGCTTACACGAGTAAAATCCGGAAGCATATCTCGCCAAAAGTCTAGGTGGGGTGGGTTT
CTAGGGATGTTTGGGAATAATGTTGATGTGGTTGACCATTACCAAAAGAAGCTTGATAAGTTAGAA
GATGACATGAGATTGAAACAGTCTTTATTAGCAGGAGAGGAAGTTCCAGCTGCTTTTGTTTCCTTT
AGGACAAGACATGGTGCTGCAATAGCAACAAACATTCAGCAAGGAATAGATCCAACACAATGGCTA
ACTGAGGCAGCCCCGGAGCCCGAAGATGTTCATTGGCCATTTTTCACTGCATCGTTTGTGAGAAGA
TGGATCTCCAATGTAGTGGTGCTTGTGGCTTTCGTAGCTCTTTTGATCCTATACATTGTCCCCGTT
GTATTGGTTCAAGGTCTTGCTAATCTTCACCAGTTGGAGACTTGGTTCCCTTTTCTAAAAGGAATA
TTAAATATGAAAATCGTGAGTCAAGTGATTACGGGATATCTTCCGAGTCTCATTTTCCAGCTTTTC
CTTCTTATAGTACCACCCATTATGCTTCTACTTTCCTCAATGCAAGGATTCATTTCTCATAGCCAG
ATTGAGAAATCTGCATGTATCAAGCTTCTAATCTTTACTGTATGGAACAGTTTCTTTGCAAATGTA
CTGTCCGGATCTGCCCTTTATCGTGTTAATGTGTTCCTTGAACCTAAGACTATTCCTCGTGTGCTT
GCTGCAGCTGTGCCAGCACAGGCATCGTTCTTTGTATCTTATGTTGTGACCTCTGGATGGACTGGT
TTATCATCAGAGATCCTCCGTTTGGTTCCTCTTCTTTGGAGTTTCATAACGAAACTTTTCGGCAAG
GAAGATGACAAAGAATTTGAGGTTCCTTCAACTCCTTTCTGCCAAGAAATCCCAAGGATTCTATTT
TTTGGACTCCTCGGTATAACTTACTTCTTCCTTTCGCCATTGATACTGCCTTTCTTGTTGGTCTAC
TATTGTCTTGGATATATCATCTACCGCAACCAGCTCCTAAACGTATATGCGGCCAAGTATGAAACT
GGTGGAAAGTTTTGGCCAATAGTTCACAGCTATACTATCTTCTCTTTGGTACTAATGCACATTATT
GCAGTCGGATTATTCGGGCTTAAAGAGCTTCCAGTGGCATCTTCTTTAACAATTCCCCTTCCGGTT
CTCACGGTCCTTTTCAGCATTTACTGCCAAAGACGGTTTTTACCAAATTTCAAATCTTATCCTACC
CAGTGTCTGGTAAACAAAGATAAAGCAGACGAGAGAGAGCAAAACATGTCTGAATTCTATTCGGAA
CTCGTTGTTGCTTACCGAGATCCTGCACTTTCGGCATCACAGGACTCGAGAGATATCTCACCTTGA

SEQ ID NO: 445, proteína - Arabidopsis thaliana

MLLSALLTSVGINLGLCFLFFTLYSILRKQPSNVTVYGPRLVKKDGKSQQSNEFNLERLLPTAGWV
KRALEPTNDEILSNLGLDALVFIRVFVFSIRVFSFASVVGIFILLPVNYMGTEFEEFFDLFKKSMD
NFSISNVNDGSNKLWIHFCAIYIFTAVVCSLLYYEHKYILTKRIAHLYSSKPQPQEPTVLVSGVPL
VSGNSISETVENFFREYHSSSYLSHIVVHRTDKLKVLMNDAEKLYKKLTRVKSGSISRQKSRWGGF
LGMFGNNVDVVDHYQKKLDKLEDDMRLKQSLLAGEEVPAAFVSFRTRHGAAIATNIQQGIDPTQWL
TEAAPEPEDVHWPFFTASFVRRWISNVVVLVAFVALLILYIVPVVLVQGLANLHQLETWFPFLKGI
LNMKIVSQVITGYLPSLIFQLFLLIVPPIMLLLSSMQGFISHSQIEKSACIKLLIFTVWNSFFANV
LSGSALYRVNVFLEPKTIFRVLAAAVPAQASFFVSYVVTSGWTGLSSEILRLVFLLWSFITKLFGK
EDDKEFEVPSTPFCQEIFRILFFGLLGITYFFLSPLILPFLLVYYCLGYIIYRNQLLNVYAAKYET
GGKFWPIVHSYTIFSLVLMHIIAVGLFGLKELPVASSLTIPLPVLTVLFSIYCQRRFLPNFKSYPT
QCLVNKDKADEREQNMSEFYSELVVAYRDPALSASQDSRDISP

SEQ ID NO: 446, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCGACACTAACCGATATCGGAGTCGCAGCAACGATCAATATTCTAACCGCATTTGCTTTCTTC
ATTGCCTTTGCGATACTTAGACTTCAACCAGTTAACGACAGAGTCTATTTCCCTAAATGGTATCTC
AAGGGTTTAAGAAGTAGTCCTATAAAAACAGGTGGCTTTGCTAGCAAGTTTGTCAATTTGGATTTT
CGATCTTACATCAGATTCTTGAATTGGATGCCTCAAGCTTTGAGAATGCCTGAGCCTGAACTTATT
GATCATGCTGGTTTGGATTCTGTTGTCTATCTCAGGATTTACTTACTCGGGTTGAAGATCTTTTTT
CCTATAGCATGTATTGCTTTCACTGTAATGGTACCGGTTAATTGGACTAACTCGACGTTGGATCAG
TTAAAGAATCTAACTTTTAGTGATATTGATAAACTCTCTATATCGAATATACCAACTGGATCATCC
AGGTTTTGGGTGCATTTGTGTATGGCTTATGTTATTACCTTTTGGACTTGCTTTGTCCTACAACGA
GAGTACAAGCATATTGCTTCCATGAGGCTACAGTTTCTTGCTTCTGAGCATAGGAGACCTGACCAG
TTTACTGTTCTTGTAAGGAACATTCCTCCAGATCCTGATGAATCAGTAAGTGAGCTCGTTGAGCAT

FIGURA 24 cont.

TTCTTTAAGGTCAACCATCCAGACTACTACCTCACTTACCAGGCGGTCTACAACGCAAACAAGCTG
TCGGAACTGGTACAGAAGAGGATGAAATTGCAGAATTGGCTTGATTACTATCAAAACAAACACTCT
AGGAATCCATCTAAAAGGCCTTTAATAAAGATTGGTTTCCTTGGCTGTTGGGGTGAAGAAGTTGAT
GCAATTGATCACTACATAGAAAAAATCGAGGGTCTAACGAGAAAAATAAGTGAAGAGAAAGAGACA
GTAATGAGCAGCACAAAATCACTCGTACCTGCAGCTTTTGTATCCTTCAAAAAGCGTTGGGGCGCT
GTTGTTTGCTCTCAAACTCAACAGTCTCGAAACCCGACAGAGTGGCTAACCGAGTGGGCTCCAGAG
CCGCGAGACATATACTGGGACAATCTAGCATTACCATATGTTCAGCTCACAATCCGGAGACTAGTA
ATAGCTGTAGCTTTCTTCTTCCTCACTTTCTTCTTCATGATCCCTATAGCTTTCGTACAGACACTC
GCCAATATCGAAGGCATCGAAAAGGCTGTTCCGTTCTTGAAACCGCTTATCGAAGTGAAAACTGTA
AAGTCATTTATCCAAGGTTTTCTTCCGGGTATCGCATTGAAGATATTCCTCATTGTCCTCCCAAGT
ATACTAATGCTAATGTCGAAGTTCGAAGGCTTCATAAGCAAATCTTCACTAGAAAGAAGGTGTGCA
AGCAGATACTACATGTTCCAGTTCATCAACGTTTTCCTCTGTAGCATAATCGCGGGAACTGCGCTT
CAACAACTTGACAGCTTCCTAAACCAATCTGCAACCGAAATACCGAAGACAATTGGTGTCTCGATA
CCAATGAAAGCCACTTTCTTTATCACCTACATAATGGTAGACGGATGGGCTGGTGTTGCTGGAGAG
ATACTGAGGTTAAAGCCATTGATAATATATCATCTCAAGAACTTCTTCCTTGTGAAAACAGAGAAG
GACAGAGAAGAAGCAATGGATCCTGGAACCATAGGTTTCAATACTGGTGAACCTCAGATACAACTC
TACTTCATTCTTGGTCTAGTTTACGCCGCTGTTAGCCCCATTCTCCTTCCTTTTATCCTCGTCTTC
TTCGCCTTAGCTTACGTGGTTTACCGTCATCAGATTATAAATGTGTATAACCAAGAGTATGAGAGT
GCTGCAGCGTTCTGGCCAGATGTTCATAGACGTGTAGTGATTGCACTGATCGTATCTCAGCTTCTT
TTGATGGGATTGCTTAGCACGAAAAAAGCTGCTCGTTCGACTCCATTGCTTTTCATACTTCCTGTG
TTAACCATTGGATTCCACAAATTCTGTCAAGGACGTTACCAACCTATATTTGTCACATACCCTTTA
CAGGATGCAATGGTTAAAGATACGTTGGAACGCATGAGAGAACCGAATTTAAACTTGAAAACGTTT
CTTCAAAACGCGTATGCACATCCGGTGTTTAAAGCTGCAGATAATCTAGCTAATGAGATGGTTGTG
GAGGAGCCAGCGCCCGATAAGACGCCGGATTTAGTGGCGACTAAACGTGGCTCAAGGAGGTTTAAT
AGCGGCTCTGCTGAAACCTTTACTTAG

SEQ ID NO: 447, proteína - Arabidopsis thaliana

MATLTDIGVAATINILTAFAFFIAFAILRLQPVNDRVYFPKWYLKGLRSSPIKTGGFASKFVNLDF
RSYIRFLNWMPQALRMPEPELIDHAGLDSVVYLRIYLLGLKIFFPIACIAFTVMVPVNWTNSTLDQ
LKNLTFSDIDKLSISNIPTGSSRFWVHLCMAYVITFWTCFVLQREYKHIASMRLQFLASEHRRPDQ
FTVLVRNIPPDPDESVSELVEHFFKVNHPDYYLTYQAVYNANKLSELVQKRMKLQNWLDYYQNKHS
RNPSKRPLIKIGFLGCWGEEVDAIDHYIEKIEGLTRKISEEKETVMSSTKSLVPAAFVSFKKRWGA
VVCSQTQQSRNPTEWLTEWAPEPRDIYWDNLALPYVQLTIRRLVIAVAFFFLTFFFMIPIAFVQTL
ANIEGIEKAVPFLKPLIEVKTVKSFIQGFLPGIALKIFLIVLPSILMLMSKFEGFISKSSLERRCA
SRYYMFQFINVFLCSIIAGTALQQLDSFLNQSATEIPKTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGE
ILRLKPLIIYHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGTIGFNTGEPQIQLYFILGLVYAAVSPILLPFILVF
FALAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHRRVVIALIVSQLLLMGLLSTKKAARSTPLLFILPV
LTIGFHKFCQGRYQPIFVTYPLQDAMVKDTLERMREPNLNLKTFLQNAYAHPVFKAADNLANEMVV
EEPAPDKTPDLVATKRGSRRFNSGSAETFT

SEQ ID NO: 448, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGTGCAGAATTAGATTCTTCCTGATGTGTTCGTTACTTGGAGCATCACTACTTCTTCCGGTTGAT
TATTACAATGAGTCAGATTTACCGACACGAAGAGAGTATTCAATGGATGCTTTCACAATATCAAAT
ATCACACGAGGTTCTAACAAGTTATGGGTGCATTTCTCATGCTTGTGGTGCATATCATTCTATGCA
TTGTTTTTGTTGCATAAGGAATATAAGGAGATTCTTGTGATAAGGCTTCAACAAATGAAAGAACTT
AGACATCGTGCTGATCAGTTCACTGTTCTTGTCCGCCAAGTTCCTCTCTGCCCTGAGCATAACACT
CGTGGCTGCGCCGTTGATCACTTTTTCTCTAAGCATCATCGCTTTAGTTATCATTCACATCAGATG
TTGTATGACGGGAGAGATCTTGAATACCTTTTGGGGAAGCAGAAGAAGCTTAAGAAAGAGCTAGAA

FIGURA 24 cont.

GACAAGAGACACACAGAAATACTTTCAAATGGATCACAAGAACACAAGCAAATATCCACATCTGAA
GAAAAACTTCGAGAAATTACTCATATGATTTACCACCTTCAAAGTGAAACTATGCTCAGAGAGAAG
GAGTTACCTGTTGCGTTTGTCACCTTCAAATCCCGAAGAAATGCCGCGTTGGCAGCTCAAACACAG
CAGCACTCAAATCCTCTAGAACTGATAACTGAAATGGCTCCTGAACCAAGAGATGTATCCTGGAGA
AATCTTGCTATTCCACAAAAGATTTTGCCTCTCAACAAGATCGGAGTCATCCTTGCAGCAGCACTT
CTTACAATCTTCTTTGCTATTCCGGTCACAGCTGTCCAGGGAATTGCAAAGTATGAGAAGCTTAAG
AAATGGTTTCCTCCAGCCATGGCTATTGAATTCATACCAGGGCTTAGCTCAGTTGTGACAGGTTAC
CTCCCAAGTGCTATACTCAAAGGTTTCATGTACATTATTCCTTTCGCTATGCTTGGACTGGCCTAT
CTCGGCGGCTCTATTTCCAACAGTAAAGAGGAGATAAAAGCTTGCAACATGGTCTTCTATTTTCTA
ATGGGAAATGTTTTCTTCTTGAGTCTTATCTCTGGTTCCTTGCTTGATGAAATAGGAGAATATCTC
ACTCATCCTAGAGACATTCCTAGTCACCTTGCTGCTGCTGTTTCAGCCCAGGCAGAGTTTTTTATG
ACATACATCTTGACAGATGGGCTGTCTGGATTTTCTTTGGAGATTCTTCAATTGGGACTTATACTA
TTTGATATCATAAGATCATACACTTATGGAAGAGGAAAAGAGAGAACTCCTTACCTCTTTTCATTT
CCATATTTTAGAGTTATCCCCACAGTTTCCTTATCGATAATGATCGGTATGATTTATGCGGTGGTT
GCGCCATTGATGCTCCCTTTCCTAGTTGGTTATTTCTGCCTTGGATACATTGTCTACTTCAATCAG
ATGGAGGATGTTTACGAGACTACATATGATACTTGCGGTCGATTCTGGCCATTCATTCATCATTAT
ATATTTGTCTCAATAATACTAATGCAAATCACAATGGTGGGTCTTTTTGGACTTAAATCAAAGCCA
TCTGCAGCAATTGCTACAGTACCTCTCATATTGATCACTATAGCTTATAACGAATACTGCAAGATC
CGCTTCCTCCCATCATTTAAACATTTCCCTATACAGACAGCAGTTGAAATAGACGAAGAAGATGAA
AAGAATGGGGAGATGGAAACACATTATGTTGATGCTGCAACGGCGTATAACCGGCATCAACCTTGC
TTAGAGCGTGTAAGCTCAGCGGAATCACCAACAAACTTAAGCCAACCATTGCTTGGGACAGACTCC
ATTTGA

SEQ ID NO: 449, proteína - Arabidopsis thaliana

MCRIRFFLMCSLLGASLLLPVDYYNESDLPTRREYSMDAFTISNITRGSNKLWVHFSCLWCISFYA
LFLLHKEYKEILVIRLQQMKELRHRADQFTVLVRQVPLCPEHNTRGCAVDHFFSKHHRFSYHSHQM
LYDGRDLEYLLGKQKKLKKELEDKRHTEILSNGSQEHKQISTSEEKLREITHMIYHLQSETMLREK
ELPVAPVTFKSRRNAALAAQTQQHSNPLELITEMAPEPRDVSWRNLAIPQKILPLNKIGVILAAAL
LTIFFAIPVTAVQGIAKYEKLKKWFPPAMAIEFIPGLSSVVTGYLPSAILKGFMYIIPFAMLGLAY
LGGSISNSKEEIKACNMVFYFLMGNVFFLSLISGSLLDEIGEYLTHPRDIPSHLAAAVSAQAEFFM
TYILTDGLSGFSLEILQLGLILFDIIRSYTYGRGKERTPYLFSFPYFRVIPTVSLSIMIGMIYAVV
APLMLPFLVGYFCLGYIVYFNQMEDVYETTYDTCGRFWPFIHHYIFVSIILMQITMVGLFGLKSKP
SAAIATVPLILITIAYNEYCKIRFLPSFKHFPIQTAVEIDEEDEKNGEMETHYVDAATAYNRHQPC
LERVSSAESPTNLSQPLLGTDSI

SEQ ID NO: 450, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCTTCAGTACAAGATATTGGTCTATCAGCAGCTATAAATCTATTATCTGCATTTGCTTTCTTG
TTTGCATTTGCTATGCTTAGACTTCAGCCAGTTAACGATAGAGTTTACTTCCCAAAATGGTATCTC
AAAGGGATAAGAGGAAGTCCAACGCGTTCTAGAGGAATCATGACTAGATTTGTTAATTTAGATTGG
ACTACTTATGTCAAGTTTCTTAATTGGATGCCTGCTGCTCTTCAAATGCCTGAACCTGAGCTTATA
GAACATGCAGGCCTTGACTCTGCTGTATATATCCGCATTTACCTTCTTGGATTGAAAATGTTCGTT
CCGATAACACTACTTGCTTTTGGAGTTTTGGTTCCTGTCAATTGGACTGGAGAAACTCTAGAAAAT
ATCGATGACTTGACATTCAGTAACGTCGATAAGCTGTCAATATCAAATGTTCCACCAGGATCGCCG
AGGTTTTGGGCACATATAACTATGACATACGTGATTACATTCTGGACTTGCTACATATTATATATG
GAATATAAGGCTGTGGCTAATATGAGATTGAGACATCTAGCAGCAGAAAGTCGTCGTCCTGATCAA
CTCACTGTACTTGTAAGAAATGTTCCTCCAGATCCTGATGAATCAGTAAACGAGCATGTTGAGCAC
TTCTTTTGTGTAAATCATCCAGATCATTATCTTTGCCATCAGGTAGTGTACAATGCAAATGACCTT
GCAAAATTAGTCGCACAGAGAAAAGCTATGCAAAATTGGTTGACGTACTACGAGAATAAATTCGAG

FIGURA 24 cont.

AGGAAGCCATCAAGTAGACCAACAACAAAGACAGGTTATGGAGGTTTTTGGGGAACTACAGTTGAT
GCAATTGACTTCTACACTTCAAAGATGGATATTCTGGCTGAGCAAGAAGCTGTAGAAAGAGAAAAG
ATCATGAACGATCCTAAGGCTATCATGCCGGCAGCATTTGTTTCCTTCAGATCACGGTGGGGAACA
GCTGTTTGTGCTCAAACACAGCAATGCCACAATCCCACAATCTGGTTGACGGAATGGGCTCCCGAA
CCACGCGATGTTTTCTGGGATAATCTCGCTATTCCATATGTTGAGCTCTCAATAAGAAGATTGCTC
ACAACAGTTGCACTGTTTTTTCTTATTTTCTGCTTCATGATTCCTATAGCATTTGTTCAGTCTCTT
GCCAACCTTGAAGGGATCCAAAAAGTTCTCCCTTTCTTGAAACCCGTGATAGAAATGAAGACTGTA
AAGTCTGTAATCCAAGGGTTTCTTCCAGGAATAGCGTTAAAGATTTTTCTCATCATACTTCCAACT
ATTCTGATGACAATGTCACAAATTGAAGGATATACATCGCTGTCCTATTTAGATAGAAGATCAGCT
GAAAAGTATTTCTGGTTCATTATTGTCAATGTCTTTCTTGGAAGCATCATTACCGGGACAGCGTTT
CAGCAGCTTAAATCTTTCCTTGAGCAACCACCAACCGAGATCCCGAAAACAGTTGGTGTGTCAATC
CCAATGAAGGCCACATTTTTCATCACATATATCATGGTCGATGGTTGGGCTGGCATAGCAGCTGAG
ATACTCAGAGTGGTTCCATTAGTCATCTTTCACCTGAAAAACACGTTTTTGGTTAAGACAGAACAA
GACAGGCAGCAAGCAATGGATCCAGGTCATCTGGACTTTGCAACATCTGAACCACGGATTCAGTTC
TATTTCTTGCTAGGCCTCGTATACGCTGCTGTTGCGCCAATTCTCCTTCCATTCATTATCGTCTTC
TTTGCTTTCGCATACGTTGTTTTTCGGCATCAGGTTATTAATGTCTACGACCAGAAATATGAGAGC
GGGGCTAGATACTGGCCTGACGTGCATAGACGTTTGATCATATGTCTAATAATATCACAGCTTCTG
ATGATGGGTCTGCTCAGCACAAAGAAATTTGCAAAAGTAACAGCTCTGCTTCTCCCTCAGCCTATC
TTAACCTTTTGGTTTTACAGATACTGCGCAGGACGGTTTGAATCGGCCTTCTCAAAATTTCCTTTA
CAGGAAGCAATGGTGAAGGATACACTAGAAAAAGCAACTGAACCGAATCTAAACCTCAAGGAATAT
CTGAAAGATGCTTACGTGCATCCGGTTTTTAAAGGCAATGATTTTGACCGACCACGGGTAGTCGAT
GAGGAGGAAAGTAACCCTCTTGTAAGGACCAAGAGGACTTCTCAAGGTACGACCCGATACAACTCA
GAAGCTAGTAGCTCTGCTACAACCACTCCTGTAGCCAACAATGACTCTCCTAGATGTTGGGGTACA
AAAATTGGGTCCTTTGGATGTGTAATTGTTGTTTCATACAGTTGTTAG

SEQ ID NO: 451, proteína - Arabidopsis thaliana

MASVQDIGLSAAINLLSAFAFLFAFAMLRLQFVNDRVYFFKWYLKGIRGSPTRSRGIMTRFVNLDW
TTYVKFLNWMFAALQMPEPELIEHAGLDSAVYIRIYLLGLKMFVPITLLAFGVLVFVNWTGETLEN
IDDLTFSNVDKLSISNVPPGSPRFWAHITMTYVITFWTCYILYMEYKAVANMRLRHLAAESRRPDQ
LTVLVRNVPPDPDESVNEHVEHFFCVNHPDHYLCHQVVYNANDLAKLVAQRKAMQNWLTYYENKFE
RKPSSRPTTKIGYGGFWGTTVDAIDFYTSKMDILAEQEAVEREKIMNDPKAIMPAAFVSFRSRWGT
AVCAQTQQCHNPTIWLTEWAPEPRDVFWDNLAIPYVELSIRRLLTTVALFFLIFCFMIPIAFVQSL
ANLEGIQKVLPFLKPVIEMKTVKSVIQGFLPGIALKIFLIILPTILMTMSQIEGYTSLSYLDRRSA
EKYFWFIIVNVFLGSIITGTAFQQLKSFLEQPPTEIPKTVGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGIAAE
ILRVVPLVIFHLKNTFLVKTEQDRQQAMDFGHLDFATSEFRIQFYFLLGLVYAAVAPILLPFIIVF
FAFAYVVFRHQVINVYDQKYESGARYWPDVHRRLIICLIISQLLMMGLLSTKKFAKVTALLLPQPI
LTFWFYRYCAGRFESAFSKFFLQEAMVKDTLEKATEPNLNLKEYLKDAYVHPVFKGNDFDRPRVVD
EEESNPLVRTKRTSQGTTRYNSEASSSATTTPVANNDSFRCWGTKIGSFGCVIVVSYSC

SEQ ID NO: 452, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCAACACTTAAAGACATTGGTGTATCAGCAGGGATAAACATCCTCACTGCATTCATTTTCTTC
ATAATCTTTGCGTTTTTAAGGCTTCAGCCATTCAACGACAGAGTTTACTTCTCCAAATGGTACCTC
AGGGGGTTAAGAAGCAGCCCTGCAAGTGGCGGCGGATTCGCGGGCGGTTTGTGAATTTGGAGTTG
AGATCATACCTCAAGTTCTTGCATTGGATGCCTGAAGCTCTTAAGATGCCTGAGCGTGAGCTGATT
GATCATGCTGGTTTAGACTCTGTTGTCTATCTCCGGATTTACTGGCTCGGGCTTAAGATTTTTGCT
CCAATAGCAATGCTTGCTTGGGCAGTTCTTGTACCGGTTAATTGGACAAACAACGAGTTGGAGTTG
GCTAAGCATTTTAAGAATGTGACTTCAAGTGATATTGACAAACTAACAATTTCGAATATCCCAGAA
GGTTCAAATAGGTTTTGGGCTCATATCATAATGGCTTATGCCTTTACAATCTGGACTTGTTATATG

FIGURA 24 cont.

CTGATGAAGGAGTATGAGACAGTTGCTAACATGAGGCTTCAGTTTCTTGCCTCAGAAGGCCGTCGA
CCTGACCAGTTCACTGTTCTTGTTAGGAATGTACCTCCGGACCCAGACGAAACTGTGAGTGAGCTT
GTGGAGCATTTTTTCCTAGTTAATCACCCTGATAACTACCTCACACATCAGGTTGTATGCAATGCA
AACAAGCTCGCGGATTTGGTTAGTAAAAAGACGAAGCTGCAGAACTGGCTTGACTATTATCAGCTC
AAATACACTAGAAATAATTCTCAGATCAGACCTATAACGAAGCTTGGGTGCCTTGGCTTGTGTGGA
CAAAAAGTTGACGCAATCGAACATTACATTGCTGAAGTAGATAAAACATCAAAAGAGATTGCTGAA
GAGAGAGAGAATGTGGTGAATGATCAAAAGTCAGTCATGCCAGCATCTTTTGTCTCTTTCAAAACC
CGTTGGGCTGCTGCTGTTTGCGCTCAGACCACGCAGACCCGAAACCCAACTGAATGGTTAACCGAA
TGGGCTGCAGAGCCGCGTGATATATATTGGCCAAACCTAGCGATTCCATATGTTTCTTTGACTGTG
AGAAGATTGGTTATGAATGTAGCCTTCTTCTTCCTTACCTTCTTTTTCATCATCCCTATCGCGTTT
GTACAATCTCTTGCTACCATTGAAGGAATTGAGAAAGTTGCACCGTTCTTGAAAGTCATTATCGAA
AAAGATTTCATAAAATCGCTGATACAAGGTTTGCTAGCCGGTATTGCGTTGAAGCTTTTCCTCATC
TTTCTGCCAGCCATACTGATGACCATGTCCAAATTTGAAGGCTTTACTTCAGTTTCATTCTTAGAA
AGACGATCCGCGTCTAGATATTACATCTTTAACTTAGTGAACGTCTTTCTTGGAAGTGTTATCGCT
GGAGCTGCGTTTGAGCAGCTTAACTCTTTCCTCAATCAATCGCCTAATCAAATCCCTAAGACTATT
GGCATGGCGATACCGATGAAAGCAACCTTCTTTATCACATATATAATGGTTGATGGTTGGGCAGGA
GTTGCAGGAGAGATTCTTATGTTGAAACCTCTCATTATATACCACCTCAAAAACGCATTCTTGGTG
AAAACAGAGAAAGACAGAGAGGAAGCAATGAACCCGGGAAGCATCGGTTTCAACACTGGAGAGCCT
CAGATACAGCTTTACTTCCTTCTTGGTCTTGTCTATGCTCCTGTGACACCAATGCTTCTTCCTTTT
ATCTTAGTCTTTTTCGCTCTTGCTTATGTCGTATACCGCCATCAGATCATAAATGTGTATAATCAA
GAGTATGAGAGCGCTGCTGCGTTTTGGCCGGATGTTCATGGACGGGTTATAACGGCATTGATCATA
TCTCAGTTGCTTCTGATGGGTTTGTTAGGTACAAAACATGCCGCTTCAGCTGCTCCGTTTCTCATT
GCTCTTCCTGTGATTACTATCGGTTTCCACCGCTTCTGTAAAGGCCGTTTCGAACCTGCCTTTGTC
CGTTACCCCTTACAGGAAGCTATGATGAAAGATACATTGGAAAGAGCAAGAGAGCCAAATCTGAAC
CTGAAAGGTTACTTGCAAGACGCTTATATTCATCCGGTTTTTAAAGGCGGTGATAATGATGACGAC
GGTGACATGATCGGAAAATTGGAGAATGAAGTCATCATAGTGCCAACAAAACGCCAATCGCGGAGG
AACACTCCTGCACCGAGCAGAATCAGCGGTGAATCGTCTCCATCTTTGGCCGTTATTAACGGTAAA
GAAGTCTAG

SEQ ID NO: 453, proteína - Arabidopsis thaliana

MATLKDIGVSAGINILTAFIFFIIPAFLRLQPFNDRVYFSKWYLRGLRSSPASGGGFAGRFVNLEL
RSYLKFLHWMPEALKMPERELIDHAGLDSVVYLRIYWLGLKIFAPIAMLAWAVLVPVNWTNNELEL
AKHFKNVTSSDIDKLTISNIPEGSNRFWAHIIMAYAFTIWTCYMLMKEYETVANMRLQFLASEGRR
PDQFTVLVRNVPPDPDETVSELVEHFFLVNHPDNYLTHQVVCNANKLADLVSKKTKLQNWLDYYQL
KYTRNNSQIRPITKLGCLGLCGQKVDAIEHYIAEVDKTSKEIAEERENVVNDQKSVMPASFVSFKT
RWAAAVCAQTTQTRNPTEWLTEWAAEPRDIYWPNLAIPYVSLTVRRLVMNVAFFFLTFFFIIPIAF
VQSLATIEGIEKVAPFLKVIIEKDFIKSLIQGLLAGIALKLFLIFLPAILMTMSKFEGFTSVSFLE
RRSASRYYIFNLVNVFLGSVIAGAAFEQLNSFLNQSPNQIPKTIGMAIPMKATFFITYIMVDGWAG
VAGEILMLKPLIIYHLKNAFLVKTEKDREEAMNPGSIGFNTGEPQIQLYFLLGLVYAPVTPMLLPF
ILVFFALAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHGRVITALIISQLLLMGLLGTKHAASAAPFLI
ALPVITIGFHRFCKGRFEPAFVRYPLQEAMMKDTLERAREPNLNLKGYLQDAYIHPVFKGGDNDDD
GDMIGKLENEVIIVPTKRQSRRNTPAPSRISGESSPSLAVINGKEV

SEQ ID NO: 454, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCTACAATAAACGATATTGGAGTAGCAGCAGCAATCAATATAGTCACAGCATTTGCTTTTCTC
TTAGCTTTTGCTATATTCAGGATTCAACCAGTAAATGACAGAGTCTATTTCCCTAAATGGTATCTC
AAGGGCTTAAGAAGTAGTTCTATACAAACTGGTGGCTTTGGTAGCAAATTCATCAATTTGGACTTC
AGGTCCTATATTCGTTTCCTCAATTGGATGCCTGAAGCACTTAAAATGCCAGAACCGGAACTCGTC

FIGURA 24 cont.

GATCACGCTGGACTCGATTCTGTTGTCTACTTGAGGATCTACTTACTCGGGCTCAAGATCTTTTTC
CCTATAGCTTGTGTTGCTTTTACAACAATGGTTCCTGTTAATTGGACAAACAAAGGATTGGATCGG
TTAAGGCATTCCAATATAAGTTTCAGTGATATTGATAAACTCTCTTTATCAAATATACCAAATGGG
TCACCTAGATTTTGGGTGCATTTGTGTATGGCTTATGCGATTACCTTCTGGACATGCTTTATCCTG
AAAAGAGAGTACCAGAATATAGCTTTAATGAGACTACAGTTTCTTGCAAATGATCAAAGGAGACCT
AACCAGTTCACTGTACTGGTAAGAAACATTCCTGCAGATCCTCATGAATCAATATGTGAACTTGTT
GAACATTTCTTCAAAGTCAATCATCCAGATCACTATCTCACTTTCCAGGCAGTCCACGATGCAACC
AAACTCTCGGAATTGGTTCTGACGAGGAAACAAATGCAGAACCTGCTTGATTACAATATAAACAAA
CACATGAGGAATCTATCTAACAGGCCAGTAATAAAGATGGGATTTCTTGGCTGCTGTGGTGAAGAA
GCTGATGGAATCAAATATTACACGTCCGTCGTTGAGGGTCTAACAAGAGAAATATCTGAGGAGAAA
CAGAGGTTAAGGACCGGCACAAAGTCCATAGTGCCTGCAGCTTTTGTATCTTTCAAGAGCCGTTGG
GGAGCAGCGGTTTGTGCTCAAACTCAACAGACAAGAAACCCAACAGAATGGCTAACTGAGTGGGCT
GCAGAGCCACGTGACATCTACTATGACAATCTGGCATTGCCATATGTAGACCTTAAGATAAGGAGG
CTCATAGTCGGCGTCGCATACTTCTTCCTCACCTTCTTCTTCATGATACCAATAGCATTTGTACAG
TCACTCGCCAACATCGAAGGCATAGAGAAGGCTTTTCCTTTCTTGAAGCCCCTTATAGAAGTGAAA
TTGTTAAAGTCGATCATCCAAGGTTTCCTTCCCGGAATCGCCTTGAAGATCTTCCTCCTTTTCCTC
CCAAGAATACTCATGCAGATGTCCAAATTTGAAGGTTTTGTCAGCACATCCTCATTAGAAAGAAGA
GCTGCAACTAGATTCTACATGTTCCAATTCATCAATGTTTTCCTTGGAAGCATAGTCACCGGGACT
GCGTTTCAACAGCTCAACAGTTTCCTTAACCAGTCTGCAAACGATATTCCAAAAACAATTGGTGTC
TCGATTCCAATGAAAGCGACCTTCTTTATAACATACATAATGGTGGATGGATGGGCTGGTGTTGCT
GGTGAGATATTGAGGTTGAAGCCACTCATAATCTATCATCTAAAGAACTCCTTCCTCGTGAGAACC
GAAAAAGATAGGGAAGAAGCAACTGATCCTGGAACCATAGGATTCAACACTGGTGAGCCTCAAATA
CAACTCTACTTCCTTCTTGGTCTTGTTTACGCAGCAGTTAGCCCCATCCTTCTCCCTTTTATCCTC
GTCTTCTTCGGCCTGGCTTTTGTAGTGTACCGTCATCAGGTTATAAATGTGTATAACCAAAAGTAT
GAGAGCGCAGGGAAGTTCTGGCCTGACGTTCACAGGCGTGTTGTGACCGCATTGGTTGTTTCACAG
CTGCTCTTGATGGGTCTTCTAAGCACCAAACACGCTTCTAAGTCCACTCCTTTGCTGCTTGTGCTT
CCGTTGCTGACCATCGGGTTCCACAAACACTGCAAAAACCGTTACCAACCTGCCTTTGTCACATAC
CCGTTACAGCAGGAAGCCATGATCAAAGATACACTGGACCGTATACGTGAACCAAACTTAAACCTC
AAAGCTTTCCTTCGAGACGCCTACGCCCACCCGGAGTTCAGGGTTGGAGAAGATCCAGAGCCCGAG
GAGAAGCTGGAGTCTGATATGTCACCTCCGGATTTAGTGGCCACTAAGCGTTGGTCATGGAGGAAC
ACTCCTTTGCCTAGCAAAGATAGCTGCCGTGAAATACCCTAA

SEQ ID NO: 455, proteína - Arabidopsis thaliana

MATINDIGVAAAINIVTAFAFLLAFAIFRIQFVNDRVYFPKWYLKGLRSSSIQTGGFGSKFINLDF
RSYIRFLNWMPEALKMPEPELVDHAGLDSVVYLRIYLLGLKIFFPIACVAFTTMVFVNWTNKGLDR
LRHSNISFSDIDKLSLSNIPNGSPRFWVHLCMAYAITFWTCFILKREYQNIALMRLQFLANDQRRP
NQFTVLVRNIPADPHESICELVEHFFKVNHPDHYLTFQAVHDATKLSELVLTRKQMQNLLDYNINK
HMRNLSNRPVIKMGFLGCCGEEADGIKYYTSVVEGLTREISEEKQRLRTGTKSIVPAAFVSFKSRW
GAAVCAQTQQTRNPTEWLTEWAAEPRDIYYDNLALPYVDLKIRRLIVGVAYFFLTFFFMIPIAFVQ
SLANIEGIEKAFFFLKPLIEVKLLKSIIQGFLPGIALKIFLLFLPRILMQMSKFEGFVSTSSLERR
AATRFYMFQFINVFLGSIVTGTAFQQLNSFLNQSANDIPKTIGVSIPMKAIFFITYIMVDGWAGVA
GEILRLKPLIIYHLKNSFLVRTEKDREEATDPGTIGFNTGEPQIQLYFLLGLVYAAVSPILLFFIL
VFTGLAFVVYRHQVINVYNQKYESAGKFWPDVHRRVVTALVVSQLLLMGLLSTKHASKSTPLLLVL
PLLTIGFHKHCKNRYQPAFVTYFLQQEAMIKDTLDRIREPNLNLKAFLRDAYAHPEFEVGEDPEPE
EKLESDMSPPDLVATKRWSWFNTPLPSKDSCREIP

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 456, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGGCGACACTTCAGGATATTGGTGTATCAGCTGGGATAAACATTCTCAGTGCCTTTGTTTTCTTC
ATAATCTTTGCGGTTTGAGGCTTCAGCCTTTCAATGATAGAGTTTACTTCTCAAAATGGTATCTC
AAGGGGTTAAGAAGCAGCCCTGCTCGTGGTGGCGCCTTTGCGCAGAGGTTTGTGAACCTGGACTTC
AGGTCTTATATGAAGTTCTTGAATTGGATGCCAGAGGCTCTGAAGATGCCTGAGCCTGAGCTTATT
GATCATGCTGGTTTGGATTCAGTTGTTTATCTCCGGATTTACTGGCTGGGGCTTAAGATCTTTACT
CCAATAGCAGTGCTTGCTTGGGCAGTTCTTGTGCCAGTCAACTGGACTAATAACACATTGGAGATG
GCTAAGCAGTTAAGGAATGTAACTTCGAGCGACATTGACAAACTCTCTGTTTCAAATATTCCAGAG
TATTCAATGAGGTTTTGGACTCATATAGTAATGGCTTATGCCTTTACCATCTGGACTTGTTATGTG
CTGATGAAAGAATATGAGACAATTGCTAACATGAGGCTCCAGTTTGTTGCATCAGAAGCTCGTCGA
CCTGACCAGTTCACTGTCCTTGTTAGGAATGTACCTCCGGACGCAGATGAATCTGTAAGTGAACTG
GTAGAGCATTTTTTCCTGGTCAATCATCCTGATCACTACCTAACACATCAGGTTGTATGCAATGCA
AACAAGCTGGCCGATTTGGTGAAAAAGAAGAAAAAGCTGCAGAATTGGCTTGATTACTACCAGCTC
AAATACGCTAGGAATAACTCTCAGAGAATTATGGTGAAGCTTGGCTTTCTTGGGCTATGGGGACAA
AAAGTCGATGCCATTGAACATTACATTGCTGAAATTGACAAAATATCAAAAGAGATCAGTAAAGAA
AGAGAGGAAGTGGTGAATGATCCTAAGGCCATTATGCCAGCAGCGTTTGTCTCCTTTAAAACACGA
TGGGCTGCTGCGGTTTGTGCTCAGACTCAACAGACCCGAAACCCAACCCAATGGCTGACCGAATGG
GCTCCAGAACCGCGTGATGTGTTTTGGTCAAATCTTGCTATTCCATATGTTTCTCTGACAGTAAGG
AGGTTGATCATGCATGTTGCCTTCTTCTTCCTAACCTTCTTCTTCATTGTCCCCATCGCGTTTGTT
CAATCTCTTGCTACCATTGAAGGGATTGTGAAAGCTGCTCCGTTCTTGAAGTTTATTGTAGATGAT
AAATTCATGAAATCGGTGATACAAGGTTTCCTTCCGGGTATTGCACTGAAGCTTTTCCTCGCCTTT
CTGCCATCCATTTTGATGATCATGTCCAAATTTGAAGGCTTCACATCGATCTCATCTTTAGAGAGA
CGAGCAGCGTTTCGATATTACATCTTCAACTTAGTGAACGTCTTTCTTGCTAGCGTTATCGCTGGA
GCTGCGTTTGAACAGCTTAACTCTTTCCTCAATCAATCCGCAAACCAAATCCCCAAAACCATTGGT
GTGGCGATACCGATGAAAGCAACTTTCTTCATCACGTATATAATGGTTGATGGTTGGGCAGGAGTT
GCAGGAGAGATTCTAATGCTGAAACCATTGATTATGTTCCATCTCAAAAACGCCTTCTTGGTTAAG
ACTGATAAAGACAGAGAGGAAGCAATGGACCCGGGAAGCATTGGTTTTAACACGGGTGAGCCTCGG
ATACAGCTCTACTTTCTTCTCGGTCTTGTCTACGCTCCTGTGACACCGATGCTTCTTCCTTTTATC
TTGGTCTTCTTCGCCCTTGCTTACATTGTATATCGCCACCAAATCATTAACGTATACAATCAAGAA
TACGAGAGTGCTGCAGCGTTTTGGCCAGACGTTCATGGACGAGTCATAGCAGCATTGGTAATATCA
CAGTTGCTTCTGATGGGTCTATTGGGAACAAAGCACGCTGCATTAGCTGCACCGTTTCTCATTGCT
TTGCCTGTGCTTACCATTGGTTTCCACCACTTCTGCAAAGGTCGTTATGAGCCAGCTTTCATCAGA
TACCCTTTACAGGAAGCTATGATGAAAGATACATTAGAAACCGCAAGAGAACCAAACCTGAACCTT
AAAGGCTACTTGCAAAATGCTTACGTTCATCCGGTTTTCAAAGGCGATGAAGACGATTATGACATT
GATGACAAGCTCGGGAAGTTTGAGGATGAAGCCATTATTGTTCCCACCAAACGTCAGTCGAGGAGA
AATACTCCGGCTCCTAGCATAATCAGTGGGGACGATTCGCCGTCTTTGCCCTTTAGTGGTAAACTA
GTCTAA

SEQ ID NO: 457, proteína - Arabidopsis thaliana

MATLQDIGVSAGINILSAFVFFIIFAVLRLQPFNDRVYFSKWYLKGLRSSPARGGAFAQRFVNLDF
RSYMKFLNWMPEALKMPEPELIDHAGLDSVVYLRIYWLGLKIFTPIAVLAWAVLVPVNWTNNTLEM
AKQLFNVTSSDIDKLSVSNIPEYSMRFWTHIVMAYAFTIWTCYVLMKEYETIANMRLQFVASEARR
PDQFTVLVRNVPPDADESVSELVEHFFLVNHPDHYLTHQVVCNANKLADLVKKKKKLQNWLDYYQL
KYARNNSQRIMVKLGFLGLWGQKVDAIEHYIAEIDKISKEISKEREEVVNDPKAIMPAAFVSFKTR
WAAAVCAQTQQTRNPTQWLTEWAPEPRDVFWSNLAIPYVSLTVRRLIMHVAFFFLTFFFIVPIAFV
QSLATIEGIVKAAPFLKFIVDDKFMKSVIQGFLPGIALKLFLAFLPSILMIMSKFEGFTSISSLER
RAAFRYYIFNLVNVFLASVIAGAAFEQLNSFLNQSANQIPKTIGVAIPMKATFFITYIMVDGWAGV
AGEILMLKPLIMFHLKNAFLVKTDKDFEEAMDPGSIGFNTGEPRIQLYFLLGLVYAFVTPMLLPFI

FIGURA 24 cont.

LVFFALAYIVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHGRVIAALVISQLLLMGLLGTKHAALAAPFLIA
LPVLTIGFHHFCKGRYEPAFIRYPLQEAMMKDTLETAREPNLNLKGYLQNAYVHPVFKGDEDDYDI
DDKLGKFEDEAIIVPTKRQSRRNTPAPSIISGDDSPSLPFSGKLV

SEQ ID NO: 458, DNA - Arabidopsis thaliana

ATGAATCGCAATTTTTCACCAGCTGCGATGCCACCGATTTCATCAATGACAATAGATAATTCATTC
TCTCCTCCTCCATCTTCCGGCGACTTACCTGAAATCCCAGATGCTTGGTACGGCAACATTCAGTAT
CTGCTTAATATCTCGGTCATTGGTCTCTTATGCTGCGTCTCCATCTTTCTCTTCGTTAAGCTACGC
AGCGACCACCGTCGTATGCCTGGTCCTTCTGCTCTCTTCTCTAAGCTCCTCGCCGTTTGGAAAGCC
ACGTGTCGCGAGATCGCTCGTCACTGTGGTGCTGATGCTGCTCAGTTTCTTTTAATTGAAGGTGGA
AGCTTTGTGCTTCTTTTCTCCATTGCTGTTTTAGCTGTTTCGGTTATGCTTCCGTTGAATTTATAT
GCTGGGACTGCTTTGTTGAGTGATGAGCTTTCGAAAACGATGATTACGCATATTCAGAAAGGTTCA
GCTTTGCTTTGGCTGCATTTTGTGTTTGTTGTTATTGTTGTTGTTATCTCGCATTTTGGAATCGCT
GCTATTGAAGCTAGGTTGAAGTTTACTAGGTTTAGAGATGGGAATGGGAATATCAGTGACCCGAAC
GCGAATTCTACTGCTGTGTTTACTATAATGGTGCAGGGTTTGCCTAAGAATTTAGGGTCTGATAGA
GTTGAGTTTGAAGATTGCTTTAGGCTGAAGTACCCTGGGAAAGTTTATAAGTTTATTGTTCCCATG
GATTTGTGTGCTTTGGATGATCTTGCTACAGAGTTGGTTCGTGTTCGAGATGAGATTACTTGGTTA
GTTGCCAAGATGGACTCTAGGCTTCTACCGGATGAGTATGAGAATGTTGGAGATAACGGACTAGTG
TTCTGTGTGTGTTCTTTGTGGGTTAGGGTGAAGGTTTTGTGGTCTCAGATTACAGAGAGGTTTGGA
TTTACAGATGATGAAAAACTGAGGAAGCTGCAAGAACTGAGAGCTGATTTGGAGTCTCAGTTAGCA
GCTTATAAAGAAGGACGAGCACAAGGCGCTGGGGTTGCTTTTGTGATGTTTAAGGATGTGTACACA
GCTAATAAGGCTGTTCAGGATTTTCGAAACGAGAGATCAAGGCGTACTGGAAAGTTCTTCTCTGTC
ACAGAGCTGCGATTACAGAGAAACCAGTGGAAAGTGGACAGAGCACCCTTGGCTACTGATATTTAT
TGGAATCATCTGGGATTGACAAAAGTTGCTCTTATTGTGCGAAGAGTGATTGTTAATACTATTCTA
CTGTTGATTCTTGTGTTTTTCAGCTCCCCATTGGCCTTGATCAGTGCATTGGTAAGTGCCGGGAGA
ATCTTCAATGCTGAAGCATTGGATAGTGCTCAGTATTGGCTCACTTGGGTGCAAACTTCTGGCTGG
ATTGGATCTCTGATTTTTCAGTTCCTGCCCAACGTCTTCATATTTGTTAGTATGTACATTGTAATC
CCTTCTGCGCTCTCGTATCTTTCCAAGTTTGAGCGGCATCTAACAGTGTCTGGGGAACAAAGAGCA
GCTCTCTTGAAGATGGTTTGCTTCTTCCTTGTGAACCTCATCATTCTCAAGGCTCTTGTGGAGTCG
TCACTGGAAAGTGCACTCCTGAAAATGAGCCGTTGCTATTTAGATGGTGAGGATTGCAAGAGGATT
GAAGAATACATGAGCCCTTCCTTCTTATCAAGGTCATGCGTTTCAGCTCTAGCTTTTCTCATCACA
AGCACGTTCCTAGGAATCTCCTTCGATCTACTCGCTCCAATCCCGTGGATCAAGAAGAAAATTCAA
AAGTTCAGGAAGAATGACATGCTTCAGCTTGTCCCCGAGCAAAATGAAGAGTACGCTTTGGAAAAT
CAAGAGCCAAGCAGTAACCTTGAGACACCACTTCTCCCTGAAAACATGTTTGAGTCTCCAAGATTC
GGGGACATAGAACCTATGAGCCAAGACCTCTCTGAATACCCAATCAGCCGAACCTCACCAATCCCT
AAACAGAAATTCGACTTTGCCCAATACTACGCCTTCAATCTCACCATCTTTGCCTTAACAATGATA
TACTCTTCATTCGCTCCACTCGTGGTCCCTGTAGGCGCAGTTTACTTTGGTTACAGATACATTGTC
GACAAATACAACTTCCTTTACGTGTACAGAGTCCGTGGCTTCCCTGCAGGGAATGAAGGAAAGCTA
ATGGACACGGTTTTGTGTATCATGAGATTCTGTGTCGACCTGTACCTCGTCTCAATGCTGCTCTTC
TTCTCAGTTAAAGGAGATTCCACAAAGCTTCAAGCCATATTCACACTTGGAGTGCTTGTGATGTAC
AAGCTTTTGCCTTCGGATACAGACCGGTATCACCCAGCTTTACTAAGAAGTATTCAGACCGTCGAT
AGCATCATCGACGGACCTGTGGATTACGAAGCTTATTCTCACCCAAACTTCGATTGGGACACTTAC
AACAACAGATGA

SEQ ID NO: 459, proteína - Arabidopsis thaliana

MNRNFSPAAMPPISSMTIDNSFSPPPSSGDLPEIPDAWYGNIQYLLNISVIGLLCCVSIFLFVKLR
SDHRRMPGPSALFSKLLAVWKATCREIARHCGADAAQFLLIEGGSFVLLFSIAVLAVSVMLPLNLY
AGTALLSDELSKTMITHIQKGSALLWLHFVFVVIVVVISHFGIAAIEARLKFTRFRDGNGNISDPN

FIGURA 24 cont.

ANSTAVFTIMVQGLPKNLGSDRVEFEDCFRLKYPGKVYKFIVPMDLCALDDLATELVRVRDEITWL
VAKMDSRLLPDEYENVGDNGLVFCVCSLWVRVKVLWSQITERFGFTDDEKLRKLQELRADLESQLA
AYKEGRAQGAGVAFVMFKDVYTANKAVQDFRNERSRRTGKFFSVTELRLQRNQWKVDRAPLATDIY
WNHLGLTKVALIVRRVIVNTILLLILVFFSSPLALISALVSAGRIFNAEALDSAQYWLTWVQTSGW
IGSLIFQFLPNVFIFVSMYIVIPSALSYLSKFERHLTVSGEQRAALLKMVCFFLVNLIILKALVES
SLESALLKMSRCYLDGEDCKRIEEYMSPSFLSRSCVSALAFLITSTFLGISFDLLAPIPWIKKKIQ
KFRKNDMLQLVFEQNEEYALENQEPSSNLETPLLPENMFESPRFGDIEPMSQDLSEYPISRTSPIP
KQKFDFAQYYAFNLTIFALTMIYSSFAPLVVPVGAVYFGYRYIVDKYNFLYVYRVRGFPAGNEGKL
MDTVLCIMRFCVDLYLVSMLLFFSVKGDSTKLQAIFTLGVLVMYKLLPSDTDRYHPALLRSIQTVD
SIIDGPVDYEAYSHPNFDWDTYNNR

SEQ ID NO: 460, DNA - Aquilegia spp.

TGCCAATCATCAGTCACGTCATTAAGACTAACGCTACTATATAACCATTATAAGCTCCACAATTAT
CTCTTCCATGAAGAAAAAAAGATGGATTTGAGTTCATTTTTAGCATCATTAACAACATCATTTTTAG
TATTTGTGATTTTAATGTTGGTTTTTACTTGGCTTTCTAGAAAACCTGGAAATAGTGTGATTTATT
ATCCAAATAGAATTGTTAAAGGTTTAAAACCTTATGAAGGTGTTAGAACAAGAAGTCCATTTGCTT
GGATTAAAGAAAGTATTACTTCTACTGAAGATGATATTATCTCCATTTCTGGTGTTGATACTGCTG
TTTACTTTGTCTTCTTGTCAACAGTTTTGGGGATATTGGTTTCATCTGGTACACTTTTACTACCGT
CTCTTTTGCCTATTGCTGGAACTGCAAAAGGCGATGCCAAGAACAATAGTAACTTCACCAGCCTTG
AAAGGATTTCCATGGCAAATGTTGAGGAGAAAAGTCCGAGATTGTGGGCTTTTCTTTTAGCCACAT
ATGTGGTGTCTTTTTCCACATTGTATATGTTATGGAAAGCCTATATTCATGTTTCTGAGCTAAGAA
GCACAGCTCTAAGTGCTCCGGACGTGAAGCCAGAGCAATATGCGATTCTAGTCAGAGGACATACCAG
CTGTTCCGGAGGGACAGACCCGGAAAGAACAGGTTGATTCATATTTCAGCTTACTCCATGGAGATA
CATTTTACAGATCAATGGTGGTGACAGACAACATAGAGGTGAACAAAATTTGGGAAGATTTGGAAA
ACTATAGAAAGAAACGTGCCCGTGCTGAAGCCATACTTGAAGCTTCTAAAACAAGACCTATGAACA
AAACGGGTTTTCTCAGCGGTGACAAAGTTAATACAATAAAACATTGCACAGAAATGATTCATGAAC
TGGTACCCAAATTAAAAATAGAACAGGAAAATACCATTAGAGAAAAACAGCAATCTTCGGCTTTGA
TCTTCTTCACGAACAGGATAGCTGCAACATCTGCTGCCCAGACCATCCATGCGAAGAAGGTTGATA
CATGGACAGTGGTAGAAGCTCCTGAACCACGACAGATAATATGGAGGAATCTTAAAATGAAGTTCT
ATCAAAGGAAGCTCAAAAAGGATATTGTTTTTGTCATAGTTGCGTTGACTATATTCTTTTACATGA
TCCCAATTGCGTTTATCTCTGCTTTTACAACTATGAAGAATCTGAAGAAGCTTCTGCCTTTCATGA
AGCCAATTGTGGACCAGCCACAGGTTAAGACAGTGTTGGAAGCATACTTGCCTCAGATTGCACTCA
TTGTTTTCCTGGCGTTGATTCCAAAGATTCTTATGTTCCTCTCCAAGACTGAGGGCCCTTCAATAA
GCTATGTCGTAAGGGCAAGCTCAGGAAAGTATTTCTACTTCATAATCTTGAATGTCTTTATAGGAG
TTACCATTAGTGGGACATTGTTCAAAACAATCAAGGAAGTCAAACCAAACCAAATTTGGGGGTTGC
TGGGGAAAAGCCTCCCACAAAATGCCACTTTCTTTCTGACGCTGGTTGCATTAAAGTTTTTTATTG
GCTATGGACTCGAACTATCCCGTCTAGTTCCTCTTATTATTTTCCATCTGAAGAGGAAGTATTTCT
GTAAAACTGATGATGAAGTGAGAGAAGCTTGGGCTCCTGGGGATATTAACTATGCAACAAGGGTTC
CTAATGACTTGCTCATTGTTACTATAGTTTTATGCTATTCTGTAATAGCTCCAATTATTATTCCCT
TTGGTGTGGCATACTTTGGCGTTGGCTGGCTTGTTCTTCGGAATCAGGCATTGAAAGTTTACGTTC
CATCATATGAGAGCTATGGCCGTATGTGGCCCCATATGCATGCACGTATTCTTGCAGCTCTGATCA
TCTACCAAGTCACCATGATTGGCTACTTCAGTATTAAAAAGTTCCTCTACTCTCCTTTTGCCATCC
CCCTCCCTATTTTCTCAATCGTTTTTGCCTTAATGTGTCGGAGGAAATTTTACAACTCCTTTCTTT
ACACTCCTCTGGAAGTTGTTTGTGCCAAAACAAAGGAAACCCCAAATTTGGAAACTATTTATAACT
CCTACATTCCACCTTGCTTGAGTTCATATAAGTTTGATGAAACTCAAGAGTTTGGTCATGCTTTAT
CTGCATTTCGAGAAACGGGATCATTGGTTTGATTGCAAGTACACTGAATTTCAGCATTCTATGTTA
AGAAGTGTGGTGTGTTTAAATTTTTAGTCGTGTGGTTTACAACTTATCTATAGCTCTGCTCTTCTA
GTTAGTACAGTCTGAGAGTAATTTTATGCTGTTGTGACTTTCTGGTTCACTCG

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 461, proteína - Aquilegia spp.

MDLSSFLASLTTSFLVFVILMLVFTWLSRKPGNSVIYYPNRIVKGLKPYEGVRTRSPFAWIKESIT
STEDDIISISGVDTAVYFVFLSTVLGILVSSGTLLLPSLLPIAGTAKGDAKNNSNFTSLERISMAN
VEEKSPRLWAFLLATYVVSFSTLYMLWKAYIHVSELRSTALSAPDVKPEQYAILVRDIPAVPEGQT
RKEQVDSYFSLLHGDTFYRSMVVTDNIEVNKIWEDLENYRKKRARAEAILEASKTRPMNKTGFLSG
DKVNTIKHCTEMIHELVPKLKIEQENTIREKQQSSALIFFTNRIAATSAAQTIHAKKVDTWTVVEA
FEPNQIIWRNLKMKFYQRKLKKDIVFVIVALTIFFYMIPIAFISAFTTMKNLKKLLPFMKPIVDQP
QVKTVLEAYLPQIALIVFLALIPKILMFLSKTEGPSISYVVRASSGKYFYFIILNVFIGVTISGTL
FKTIKEVKPNQIWGLLGKSLPQNATFFLTLVALKFFIGYGLELSRLVFLIIFHLKRKYFCKTDDEV
REAWAPGDINYATRVPNDLLIVTIVLCYSVIAPIIIPFGVAYFGVGWLVLRNQALKVYVPSYESYG
RMWPHMHARILAALIIYQVTMIGYFSIKKFLYSPFAIPLPIFSIVFALMCRRKFYNSFLYTPLEVV
CAKTKETPNLETIYNSYIPPCLSSYKFDETQEFGHALSAFRETGSLV

SEQ ID NO: 462, DNA - Medicago truncatula

ATGATTCTTTCTGCTCTTTTAACTTCTGTTGCAATTAATCTTGGTCTCTGTCTTCTATTTTTCACA
CTATACTCTATATTGAGAAAACAGCCTGGTAATATAAATGTATATGTACCACGCTTCGTTGCTGAA
GGAAAGGTTAAAGAAGGTGGTCAATTTAACTTGGAACGCCTGTTACCTACTGCTGGTTGGGTGAGA
AAGGCATGGGAGCCAACAGAAGACGAATTTTTATCGACTTCAGGCTTAGATGCCTTTGTTTTCATG
CGCATGTTTGTCTTTAGCTTGAAAGTATTTACTTTTGGTGCAATTATCGGAATCGTTCTTATTCCA
ATTAATTATATGGGGAGTCAGCTCACTGACGACTCCGATTTTCAACACAAGTCTTTGGACTCGTTC
AGTATTTCTAATGTTAACAACGGTTCAAACAGGTTATGGATCCATTTTTCTGCTGCATATGTTTTC
ACTGGAGTTGTTTGCTATCTTCTTTATTATGAGTATCGATACATTTCGTCCAAACGAATAGCTTGC
TTTTATTCTTCTGAGCCACAACCTCATCACTTTACCGTGTTGGTCCGTGGTATTCCTATTCCACCT
GGAAGCACATGTACCGATGCTGTCCAGCGTTTTTTCTCTGAGTATCACCCTTCCACGTATCTTTCA
CATTCAGTCGTTCGTCGAAGCAGCAAACTTCACAATCTTATTACTGATGCAGATAAATTGTACAAA
AAGCTTACCAATCTTAAACAAAAAAATGATGCTCCTAAAAGGCAGACGCGTGAAGGTTGTTGTGGA
CTCTTTGGGCCTAAAGTTGATACTGTAGATCACTATGAAAGGAGACTTGGGAATATAGAAGATAAT
GTGAGAATGGAACAGTCCTCATTGGCATCAAAGGAAGTTCCTGCTGCATTCGTTTCATTTAAAACT
CGATTTGGTGCTGCAATAGCTTTACACATTCAAGAAGGTGTCAATCCAACAGAATGGATTACCGAG
GAAGCTCCCGAACCTCATGATGTTTATTGGCCTTTCTTTACCGTTTCATTCCTTAAAAGATGGATC
AGCAAGCTGGTAGTTTATGTTGCATATACTACTCTCACAGTTCTGTTTTTAATCCCGGTTGCAATA
GTACAAGGTCTTACTCATCTTGAACAGTTGGAAACGTTCTTCCCGTTTTTGAAAGGCGTACTGAGA
CTGTCAGTTGTGAGCCAAGTTATAACAGGATACCTTCCAAGTTTGATTCTTCAGTTGTTTCTATCA
TATGTTCCACCTACTATGATTATGCTTTCATCTTTGCAAGGATACATTTCATGGAGTCAGATACAA
AAAAGTGCATGCACTAAAGTGTTACTGTTTACCATATGGAACATTTTCTTTGCAAATGTACTATCA
GGGTCTGCTCTTTATCGAGTGAACATCTTTCTTGAGCCGAAAAACATCCCAAGAGTATTAGCCGAA
GCTGTACCCTCACAGGCATCGTTCTTCATTGCATATGTTGTGACATCTGGATGGACCACAATAGCA
TCAGAGCTCTTTCGATTATCTACACTTATTTCCAATTTTTTAAGTAGAACTTTTTGTAAAAACGGC
GATGATGATTTTGAGCCCCCGTCAATTCCTTACCACAGCGAAATTCCCAGGATTCGTCTCTTCGGT
CTTCTTGGTGTGACATACTTCTTTCTTGCTCCACTCATACTTCCATTTCTCTTGATTTACTTTTGT
TTGGGATACATCATTTTCCGCAACCAGTTTTTGAAAGTTTATGTGCCAAAGTTTGAGACTGGAGGA
GAGTTTTGGCCTACAGTGCATAACTCCACGATATTTTCATTGATACTAATGCATGTAATAGCCATT
GGGATTTTTGGTTTGAAGAAACTTCCTCTAGCATCAGCATTGACTCTTCCTCTTCCAATTCTCACA
CTTCTTTTCAACGAGTATTGCCAGAAACGGTTCCGACCTATATTCAAGAATTTTCCAGCTGAGTGT
TTGATTAAGAAGGACAGAGCAGACGAAATCGAGCATAATATGTCTGAATTTTATGATAAAATGGAA
AATGCATATAATGATCCAGCTCTAATGCCAGTCCAATATTCAGAAAGGTTTGATAGTCAAAGATCA
CCACTTCTTCATAGTTCTCAATTTTAATTCATATTATGAGGCTGGTTGCTACTATGAAAATCAGCA
TACCCTCAGTTTGATTTCCCGATTTCCTGTAAAATTTATTTGATTGTTCGTGGCAATGTGTTGTAA
ATTGTTTGGCCGAGAATTTATGCTTTAATGAGTATGGAATGGAAGCTTAGC

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 463, proteína - Medicago truncatula

MILSALLTSVAINLGLCLLFFTLYSILRKQFGNINVYVPRFVAEGKVKEGGQFNLERLLPTAGWVR
KAWEPTEDEFLSTSGLDAFVFMRMFVFSLKVFTFGAIIGIVLIPINYMGSQLTDDSDFQHKSLDSF
SISNVNNGSNRLWIHFSAAYVFTGVVCYLLYYEYRYISSKRIACFYSSEPQFHHFTVLVRGIPIPP
GSTCTDAVQRFFSEYHPSTYLSHSVVRRSSKLHNLITDADKLYKKLTNLKQKNDAPKRQTREGCCG
LFGPKVDTVDHYERRLGNIEDNVRMEQSSLASKEVPAAFVSFKTRFGAAIALHIQEGVNPTEWITE
EAFEPHDVYWPFFTVSFLKRWISKLVVYVAYTTLTVLFLIPVAIVQGLTHLEQLETFFPFLKGVLR
LSVVSQVITGYLPSLILQLFLSYVPPTMIMLSSLQGYISWSQIQKSACTKVLLFTIWNIFFANVLS
GSALYFVNIFLEPKNIPRVLAEAVPSQASFFIAYVVTSGWTTIASELFRLSTLISNFLSRTFCKNG
DDDFEPPSIPYHSEIPRIRLFGLLGVTYFFLAPLILPFLLIYFCLGYIIFRNQFLKVYVFKFETGG
EFWPTVHNSTIFSLILMHVIAIGIFGLKKLPLASALTLPLPILTLLFNEYCQKRFRPIFKNFFAEC
LIKKDRADEIEHNMSEFYDKMENAYNDPALMPVQYSERFDSQRSPLLHSSQF

SEQ ID NO: 464, DNA - Medicago truncatula

ATGATTTTTTCTGCTCTTCTAACTTCAATTGCAATTAATTTTGGCTTTTGTTCTCTATTTTTCACC
CTGTACTCTATATTGAGGAAGCAACCTGGTAATATTCTTGTCTATGCACCACGCTTAGTTTCCGAA
GGAAAACTCCAAGAGGGCAATCAAGATAACTTGGAACATTTGTTACCTACTTCTGGTTGGGTGAGA
AGAGCATGGGAGCCTTCTGATGATGAATTTATATCAACTGCAGGCTTAGATGCTTTCGTCTTCATC
CGTATATTTGTCTTTAGTTTAAAAGTATTTGCCTTTGCTGGAATTGTTGGGACAATCTTTCTTCTT
CCAGTTAATTACATGGGGACTCAGATTTGTGATGATTCCGAGTCTCAGAAAACGTCATTGGATTCC
TTTAGTATTTCAAACGTTAACAATGGTTCGCACAGGTTATGGATTCATTTCAGCGCCGTTTATATT
TTCACTGGGGTTGTTTGCATTCTTCTATATTATGAGTATGAGTACATTGCATCAAAAAGAATTGCT
TGCTTCTATTCCTCGAAGCCGGAGCCTCGTCAGTTTAGTATATTAGTACGAGGTATTCCGGTTCCT
CCTGGATGTACATGTAGTGAAGCTGTCGAACAATTCTTTATGGAGTATCACCCTTCTGCTTATCAT
TCACATTCAGTTGTTCGTCGAAGCAGCAAACTTCAAATTCTAGTTACTGATACAGATAGACTGTAC
AAAAGGCTTACCCAATTGAAAGATAAAGAAAACTCTCCTCAAAGGCATAGGCGTGATGGATTTTTA
GGACTTTTTGGGCAAAAAGTTGATCTGTTAGATCATTACGAAAAGAAATTGGGAGACATTGCAGAT
AATGTGAGAATAGAACAGTCTGCATTGGCAGGAAAGGAAGTTCCAGCAGCATTTGTCTCATTTAAG
TCACGATTCGGTGCTGCAATAGCTTTGAACTCGCAACCAGGTGTCAATCCCACACACTGGATCACC
GAACCAGCGCCAGAGCCTCATGATGTTTATTGGCCTTTCTTTTCTGTCACATTCATTCGAAGATGG
ATCAGCAGGCTGGCAGTTTTTGTTGCTTGCATTGCTCTTACAATTCTATTTTTAATCCCAGTTGCA
GTAGTTCAAGGCCTTACCCATCTCGATCAATTAGAAACCATGTTCCCACCTCTGAGAAGCATACTG
AGACTGACACTTGTGAGTCAAGTTATAACAGGATACCTTCCCATTCAGATTCTACAGTTGTTTCTG
TCTTTTGTGCCAGCTATTATGATTTTTCTTTCATCCTTGCAAGGATATATTTCATGGAGTCAGATA
CAAAAAAGTGCATGCACTAAAGTATTATGGTTTACCATCTGGAACATTTTCTTTGCAAACGTATTA
TCAGGGTCGGCTCTCTACCGATTGAACTACTTTCTTGAGCCCAAAGAGTTTCCTAGAGTACTAGCT
GAAGCTGTACCAGCTCAGGCATCATTCTTCATGGCGTATATTGTGGCATTCGGATGGACTAATATA
GCATCAGAACTTTTTCAATTGATTCCACTTTCTTACAATTATGTAAATAGATATTTTGGTGGAAAC
TTTAGTGATGATTTTGAAGCACCATCAATTCCTTACTACAGCGAAATTCCCAGGATTCTTTTCTTT
GGTCTTCTTGGTGTTACATACTTTATCCTTGCTCCTCTCATACTGCCATTTATCTTGGTCTACTTT
TGTTTGGGATACATCATTTACCGCAACCAGCTATTATATGTTTATGTGCAAAAATTCGAGACTGGA
GGAGAATTTTGGCCTATAGTACACAACTGCACAATTTTTTCAATGGTGCTAATGCACATCATAGTA
ATTGGGATATTTGGGTTGAAGGAGCTTCCAATAGCATCCGGATTCACTCTTCCTCTTCCTATTGTC
ACACTTCTTTTCAATGAATACTGCCAGAAGCGGTTCATTCCTATATTCAACGCTTATCCTGCCGAA
TGTTTGATCAAGAAAGATAGAGCAGATCAAAATGATCCGAACATGTCCGAGTTTTATGATAAGTTA
ACCAATGCATACAATGATCCAGCTCTAATGCCAATCAAGTATCCCGGACGGTTTAGTAGTCACAGA
TCTCCCCTACTTGGTAGCTCAGAATCAAACACTAATGTTCTTGTTGCTACTGAAGGCCTGTTTGTG
CTTGATAGGGATGGTAATGGGGCGGGATGGGATGGGTTTTACCTTCCCCGTTCCCATACCCAACTC

FIGURA 24 cont.

TCATGTACTTACCTGTTATTCTACCCATATTCAGCGGGGATAAGAAATCGATTCTCATCCCCATCT
CCGACGGGTTTGGGTATCCCCGCCTCATCCCCATCCCCGAATCGGATAACTTTTCTTAAATAAAAA
TAGAAGCATTTGTCAGCCCCGAGCGTAATGTTGTAATACATTATCCAGCAAAGAGATGATGGTGAT
CAATTGATATGGTGATGG

SEQ ID NO: 465, proteína - Medicago truncatula

MIFSALLTSIAINFGFCSLFFTLYSILRKQFGNILVYAPRLVSEGKLQEGNQDNLEHLLPTSGWVR
RAWEPSDDEFISTAGLDAFVFIRIFVFSLKVFAFAGIVGTIFLLPVNYMGTQICDDSESQKTSLDS
FSISNVNNGSHRLWIHFSAVYIFTGVVCILLYYEYEYIASKRIACFYSSKPEPRQFSILVRGIPVP
PGCTCSEAVEQFFMEYHFSAYHSHSVVRRSSKLQILVTDTDRLYKRLTQLKDKENSPQRHRRDGFL
GLFGQKVDLLDHYEKKLGDIADNVRIEQSALAGKEVPAAFVSFKSRFGAAIALNSQPGVNPTHWIT
EPAPEPHDVYWPFFSVTFIRRWISRLAVFVACIALTILFLIPVAVVQGLTHLDQLETMFPPLRSIL
RLTLVSQVITGYLPIQILQLFLSFVPAIMIFLSSLQGYISWSQIQKSACTKVLWFTIWNIFFANVL
SGSALYRLNYFLEPKEFPRVLAEAVPAQASFFMAYIVAFGWTNIASELFQLIPLSYNYVNRYFGGN
FSDDFEAPSIPYYSEIPRILFFGLLGVTYFILAPLILPFILVYFCLGYIIYRNQLLYVYVQKFETG
GEFWPIVHNCTIFSMVLMHIIVIGIFGLKELPIASGFTLPLPIVTLLFNEYCQKRFIPIFNAYPAE
CLIKKDRADQNDPNMSEFYDKLTNAYNDPALMFIKYPGRFSSHRSFLLGSSESNTNVLVATEGLFV
LDRDGNGAGWDGFYLPRSHTQLSCTYLLFYPYSAGIRNRFSSPSPTGLGIPASSPSPNRITFLK

SEQ ID NO: 466, DNA - Medicago truncatula

ATGGCTTCACTTGGCGATATAGGACTTGCAGCTGCAATAAACATCCTTACTGCAATTGTATTCTTA
CTGGCATTTGCCATACTTCGGATTCAACCTATAAACGATAGGGTGTATTTTCCAAAATGGTATATG
AAGGGTTTAAGGTCCAGTCCATTGCAAGGAGGGGCATTTGTGAGCAAATTTGTCAATATAGACTTC
AGGTCATACATAAGGTTCTTGAACTGGATGCCTGCTGCATTGCAAATGCCGGAACCCGAACTAATT
GAACATGCAGGCTTGGATTCTGCTGTATACTTGAGGATCTACTTACTCGGGCTGAAAATATTTGTC
CCAATTTCACTCCTAGCATTTTCTGTTATGGTCCCTGTCAATTGGACCAATGACACCTTGAAACGT
TCAAATGTGGTTTATACCAGCATCGATAAGCTTTCAATTTCAAATATTCCACTTGGATCAAATAGA
TTTTGGACTCACTTGGTAATGGCTTATGCTTTTACCTTCTGGACATGTTATATCTTGAAAAGGGAG
TATCAGATAGTTGCAGCAATGAGATTGTCTTTTCTTGCATCTGAAAGACGCCGTCCTGACCAATTC
ACGGTGCTTGTTAGGAATGTACCGCCTGATGCTGATGAATCAGTCAGTGAACTAGTTGAACATTTC
TTTTTGGTCAACCATCCTGATCAATATCTAACTCATCAGGTTGTTTACGATGCAAAGAAACTCTCT
AGTCTAGTTGCTAAGAAGAAGAAACAACAGAATTGGCTTGACTACTATGAACTTAAATATTCTAGA
AATGAATCCGTAAGGCCAACTAAAAAGACTGGCTTTTTAGGTCTTTGTGGCAGTAAAGTGGATGCT
ATTGATTTTTATACTGCTGCAATTGAGAGACTATCAAGAGACATAGAGCTGGAGAAAGATAAGGTG
ACAAAGAATCCTAAATCTATAATGCCAGCAGCCTTTGTTTCCTTCAAAACTCGTTGGGGTGCTGCA
GTTTGTGCACAAACTCAACAAACTAGAAATCCAACAATATGGTTGACTGAATGGGCTCCAGAGCCC
CGTGACATATACTGGGATAACATGGCTATACCATATGTTTCTCTCTCAATAAGGAGACTTGTAATT
GGTGTTGCTTTCTTCTTTCTTACATTCTTTTTCATGATTCCCATTGCATTCGTACAGTCACTTGCT
AATATAGAGGGCATTGAAAAAGCCGCACCATTCCTCAAGTCCATTATTGAAATCGACGTCATCAAG
TCTTTTATACAAGGTTTCCTTCCTGGGATTGCTTTGAAGTTATTCCTCATTTTTTTGCCAACAATA
TTGATGATTATGTCCAAGTTCGAAGGGTTTATAAGCCAGTCTTCTCTGGAAAGAAGATGCGCCTCA
AGATATTACATCTTCCAGTTCATTAATGTGTTTCTGGGGAGCATAATTACCGGGACTGCATTCCAA
CAACTAGATAAATTCATTCATCAGTCTGCAAATGAAATTCCAAAGACAATTGGTGTTTCGATTCCA
ATGAAAGCAACTTTCTTCATAACATACATAATGGTTGATGGATGGGCAGGATGTGCTGGTGAGATT
TTAAGGTTGAAGCCTTTGATATTTTATCACTTAAAGAATTTCTTGTTGGTGAAGACTGAAAAAGAC
CGTGAAGAAGCAATGGATCCAGGGACTATTGGTTTCAATACAGGAGAACCTCAAATACAACTTTAT
TTCTTGCTTGGCCTTGTGTATTCTGTAGTCACACCATTTCTACTTCCATACATCATTGTCTTTTTT
GGTTTGGCATATCTTGTCTACCGTCATCAGATTATAAATGTGTACAACCAAGAATATGAGAGTGCT

FIGURA 24 cont.

GGAGCATTCTGGCCTGATGTCCATGGACGTATTGTATTTGCATTAGTTGTCTCACAACTTCTGTTA
ATGGGATTATTGAGTACAAAAGAAGCTGCTAACTCGACTCCATTACTCATCGCACTCCCAGTTTTG
ACAATATGGTTTCATCGGTTTTGCAAGGGAAGCTACGAACCTGCTTTTACTACTCATCCATTACAG
GAAGCAATGGTCAAAGACACATTGGAGCGTACTAAAGAGCCAAACTTCAATTTGAAAGATTTCCTC
CATGATGCATATATCCATCCCGTTTTCAATGATGACGGAGACACAGACAGTGATGTGATGAGTCAA
GAATGGAAGGAAGAGCCAGTAATTGTCCAAACAAAACGCCAGTCGCGGAAGAACACACCTGCGCCT
AGCAAACATAGTGGTGGCTCATTACAAACCTCTATGCATGGTACTACTGATGTCTGATGATGAGCA
TTAACAGCCTTAGATTTGAGTTGAAGTCAAAGACTAAGTTAGTGTTGGAGCTTAATTGGTTCAGCA
TAAATCTATAGACAGATTGAAGGTCCTACAAGAAGCATAGAGATGGTTTGGTTCACAAGTTACTCT
TGTAAACATTGCACAGTGATTTCCAGATTTTCTTTTGTATATAGATATGCAAAGCAAGAATTTTGG
GATGAGACAGATAAGAGCAATATTCAGGTCAAATTGTAACGAGTTTTTGCTCTATGGATCTTCTGT
ATCAAATATACTAGTGTCTTGTTTTATTTTTAAAAATTG

SEQ ID NO: 467, proteína - Medicago truncatula

MASLGDIGLAAAINILTAIVFLLAFAILRIQPINDRVYFPKWYMKGLRSSPLQGGAFVSKFVNIDF
RSYIRFLNWMPAALQMPEPELIEHAGLDSAVYLRIYLLGLKIFVPISLLAFSVMVPVNWTNDTLKR
SNVVYTSIDKLSISNIPLGSNRFWTHLVMAYAFTFWTCYILKREYQIVAAMRLSFLASERRRPDQF
TVLVRNVPPDADESVSELVEHFFLVNHPDQYLTHQVVYDAKKLSSLVAKKKKQQNWLDYYELKYSR
NESVRPTKKTGFLGLCGSKVDAIDFYTAAIERLSRDIELEKDKVTKNPKSIMPAAFVSFKTRWGAA
VCAQTQQTRNPTIWLIEWAPEPRDIYWDNMAIPYVSLSIRRLVIGVAFFFLTFFFMIPIAFVQSLA
NIEGIEKAAPFLKSIIEIDVIKSFIQGFLPGIALKLFLIFLPTILMIMSKFEGFISQSSLERRCAS
RYYIFQFINVFLGSIITGTAFQQLDKFIHQSANEIPKTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGCAGEI
LRLKPLIFYHLKNFLLVKTEKDREEAMDPGTIGFNTGEPQIQLYFLLGLVYSVVTPFLLPYIIVFF
GLAYLVYRHQIINVYNQEYESAGAFWPDVHGRIVFALVVSQLLLMGLLSTKEAANSTPLLIALPVL
TIWFHRFCKGSYEPAFTTHPLQEAMVKDTLERTKEPNFNLKDFLHDAYIHPVFNDDGDTDSDVMSQ
EWKEEPVIVQTKRQSRKNTPAPSKHSGGSLQTSMHGTTDV

SEQ ID NO: 468, DNA - Medicago truncatula

ATGACCAAGAAATGTAAGAATAAGTTGTCCCTATTGGATTTTTCACAACAAAAGACTTCAAAAGTA
GATTTGCTTGAGGAAAAGCTTCAAGTCCTTTGTCACAAGATTCACCAGTTACAATGCAAAGACATG
CTCAAGGAAAAGGAGTTACCTGTCGCTTTTGTTACATTCAAGTCGCGTTCTGCTGCTGTAGTAGCA
GCTCAGTTGCAGCAGCATTCACATCCACTTCTTTGGGTCACTGAACTTGCTCCAGAACCAAGGGAT
GTTTCCTGGAGGAATTTGAGATTATCCTACAGAGTCCTTCCGCTTTGTAGACTAGGCGTTGTCATT
GCGGCATCATTGCTTACAATTTTCTTTGCCATACCTGTTACTGCAGTTCAAGGAATAGCCAAATAT
GAAAAACTGAAAAAATGGTTTCCTCCAGCTATGGCTGTGCAGTTGATACCAGGATTAAGCTCTATT
GTGACAGGATATCTTCCAAGTGTCGTGCTCAAAGGATTTATATATGTTGTGCCATTTGCAATGTTT
GCTATGGCAAAAGTAGCTGGATGTGTTGCAAGAAGTAAGGAGGAAATCAAAGCCTGCAACATGGTT
TTCTATTTTCTAGTTGGAAACGTGTTCTTCGTGAGTGTCTTATCGGGATCTCTCCTTGATACACTC
GGAAAATTTATTAGCCGTCCTAAAAGTATTCCAAATGAACTTGCCACGGCTGTCTCTGCCCAAGCA
GATTTCTTTGTGACATACATCTTGACAGATGGACTATCTGGTTTTTCTTTGGAAATTCTCCAACCT
GGCTTACTTATTTGGAATATTTTAACGTCTTGTACTCCTGGCCGTCAAAGAGAGAGGAATCCTTAT
CTTTATTCATTGCCTTACTTTAGAATCATCCCTTTTGTCTCTCTCTCAATACTAATTGGTTTAGTG
TATGCAGTAGTTGCCCCGTTGTTGCTCCCATTTCTCATTGTTTACTTCTGTCTAGGCTATGTTGTC
TATATCAACCAGATTGAAGATATGTATGAAACTACATACGAAACATGTGGACAATATTGGCCATAC
ATTCATCACTACATTCTCCTTGCAATCATTCTCATGCAGATTACCATGATCGGTCTATTTGGACTC
AAGTTAAAGCCAGCTGCTTCCATATCAACCATACCACTACTGTTGTTCACATTGATGTTTAATGAG
TATTGCAAGTTGCGTTTTCTCCCTTCCTTTCACCATCAGTCTCTCAAGGATGCGGCTGAAAATGAT
GAACTTGATGAAAAGTGTGGTCAGTTGGAGTTCCATTATAAGAATGCAGGCAATGCCTATTATCCA
TCAGGTCTGCAACCAGTGAGTTTCGCGGTATCAGAGTCCAGCTCAACACCATTAGTATCTTCATGA

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 469, proteína - Medicago truncatula

MTKKCKNKLSLLDFSQQKTSKVDLLEEKLQVLCHKIHQLQCKDMLKEKELPVAFVTFKSRSAAVVA
AQLQQHSHPLLWVTELAPEPRDVSWRNLRLSYRVLPLCRLGVVIAASLLTIFFAIPVTAVQGIAKY
EKLKKWFPPAMAVQLIPGLSSIVTGYLPSVVLKGFIYVVPFAMFAMAKVAGCVARSKEEIKACNMV
FYFLVGNVFFVSVLSGSLLDTLGKFISRFKSIFNELATAVSAQADFFVTYILTDGLSGFSLEILQP
GLLIWNILTSCTPGRQRERNPYLYSLPYFRIIPFVSLSILIGLVYAVVAPLLLPFLIVYFCLGYVV
YINQIEDMYETTYETCGQYWPYIHHYILLAIILMQITMIGLFGLKLKPAASISTIPLLLFTLMFNE
YCKLRFLPSFHHQSLKDAAENDELDEKCGQLEFHYKNAGNAYYPSGLQPVSFAVSESSSTPLVSS

SEQ ID NO: 470, DNA - Populus trichocarpa

TTTGCTAACAGCCAATTTCATCTTTGCTTAATGTTGAATGTACCTCCTGATCCAGATGAAACTGTC
AGTGAGCTCTTGGAGCACTTTTTTCTAGTGAATCACCCAGATCATTACCTCACTCATCAGGTGGTG
TGCAATGCCAACAAACTAGCCAGCTTGGTCAAGAAGAAGAAAAAAAAAGCAGAACTGGCTTGACTAC
TACCAACTCAAGTACTCCAGGAATCAATCGCAGAGGCCTCAGATGAAGACTGGTTTCCTTGGGCAT
TTTGGGGGAAAAGTGGATGCAATCGATCATCACATATCAGAGATTGAGGAACTGTCAAAAGAAATA
GAAGAAGAGAGGACAAGGGTTTTAAAGGATCCAAAGTCTATCATGCCAGCAGCATTTGTTTCATTC
AAGACTCGATGGGGTGCAGCTGTGTGTGCACAAACCCAACAATCAAGAAATCCGACTTTGTGGTTA
ACAGAGTGGGCTCCGGAGCCACGCGATGTATATTGGCAAAACTTAGCCATTCCGTACATGTCACTC
AAAGTTAGGAGGCTGATAATTGGAGTTGCATTCCTTTTACTTACCTTCTTTTTCATAATACCTATT
GCATCTGTACAAGCTCTAGCAAGTATCGAGGGAATAGAGAAAAGAGCCCCTTTTCTGAAGTCTGTT
ATTGAAATAAAATTTATCAAATCTGTTATCCAAGGTTTTCTTCCTGGCATTGTGTTGAAGCTCTTC
CTTATCTTCCTGCCAACAATATTGATGATCATGTCTAAATTTGAAGGCTTCATATCTCTATCATCT
TTGGAAAGGAGATCAGCAACGAGAAATTATATTTCCTCATTATCAATGTATTCCTTGGGAGCATA
CTCACTGGAGCTGCATTTGAACAGCTAAATTCTTTTATTAAGCAGTCTGCTAACGAGTATGTTACT
CTCACAAATTGATTAAATATTCATGTCTTCATTATTTAATTGCTCCATTAGGGCGTATGCATAATT
AAGTGTGAAGGTGTGTTCATGGCATG

SEQ ID NO: 471, proteína - Populus trichocarpa

MLNVPPDPDETVSELLEHFFLVNHPDHYLTHQVVCNANKLASLVKKKKKKQNWLDYYQLKYSRNQS
QRPQMKTGFLGHFGGKVDAIDHHISEIEELSKEIEEERTRVLKDPKSIMPAAFVSFKTRWGAAVCA
QTQQSRNPTLWLTEWAPEPRDVYWQNLAIFYMSLKVRRLIIGVAFLLLTFFFIIPIASVQALASIE
GIEKRAPFLKSVIEIKFIKSVIQGFLPGIVLKLFLIFLPTILMIMSKFEGFISLSSLERRSATFNY
IFLIINVFLGSILTGAAFEQLNSFIKQSANEYVTLTN

SEQ ID NO: 472, DNA - Populus trichocarpa

CATATTCATGATTTCTTCCCTTTTCCTGATATGAAGCTCATAGGAATTCCTAAAACAATTGGTGTA
GCTGTTCCAATGAAAGCAACTTTCTTCATAACCTATATAATGGTTGATGGATGGGCTGGGATTGCT
GGGGAAGTTTTAATGTTGAAACCACTGATATTCTACCACTTGAAAAATTTCCTTTTGGTGAAGACT
GAAAAAGACAGGGAAGAGGCAATGGATCCTGGAAGTCTTGGTTTTCACACCGGCGAACCCCGTATA
CAATTATATTTTCTGCTAGGGCTTGTATATGCAACAGTGACACCAGTTCTCCTTCCATTCATAGTT
ATTTTCTTCGCCTTCGCCTATTTAGTGTTCCGTCATCAGATCATAAATGTTTACAACCACGAGTAT
GAAAGTGGTGCAGCATTCTGGCCTGATGTCCATGGGCGTATTATTACTGGGCTAGTAATCTCACAG
CTGGCTCTGATGGGATTACTGAGTACAAAAGAAGCTGCACAGTCAACACCATTTCTCATTGCTCTC
CCTGTCCTCACTATATGGTTTCATAGGTTCTGCAATGGACGCCACAAATCTGCATTTGTCAAATAT
CCATTACAGGAAGCAATGATGAAAGATACCCTGGAACGAGCAAGGGATCCAAACTTTAATCTGAAA
GCTTGCCTTCATAGTGCATATGTTCATCCAATTTTCAAAGGTGACGATGATGATGAAGACGACCTG
AGCGTAGAGATGGAAACTGAGAGTGTCTTAGTGCCTACAAAACGCCAATCGCAAAGAAATACACCA
GTACCTAGCAAAATCAGCGGGGGATACTCACCATCTTTGCCGGAGGCAGTTAAAAATGGAGAGCTC
TGAAATGGAGATCGTTAAATATGACACGTGCATGAATACACCTCGCTGTACATTTGACACCATCCA
TTGCCAGGAGACAGTAA

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 473, proteína - Populus trichocarpa

MKLIGIPKTIGVAVPMKATFFITYIMVDGWAGIAGEVLMLKPLIFYHLKNFLLVKTEKDREEAMDP
GSLGFHTGEPRIQLYFLLGLVYATVTPVLLPFIVIFFAFAYLVFRHQIINVYNHEYESGAAFWPDV
HGRIITGLVISQLALMGLLSTKEAAQSTPFLIALPVLTIWFHRFCNGRHKSAFVKYPLQEAMMKDT
LERARDPNFNLKACLHSAYVHPIFKGDDDDEDDLSVEMETESVLVPTKRQSQRNTPVPSKISGGYS
PSLPEAVKNGEL

SEQ ID NO: 474, DNA - Populus trichocarpa

TTTTCTTAGGTTTCTTTGTTGAAGGTATAAATGGCAACGCTCGAAGATATAGGGGTTTCAGCAGCT
ATAAATCTACTAAGTGCATTAATTTTCCTATTTCTATTTGCAATTTTGAGGCTGCAACCTTTCAAT
GATAGGGTTTACTTTCCGAAATGGTATCTCAAGGGCTTAAGAAACAGTCCCTCGCGGTCAAGGGCA
TTGGTTAGTAGGTTTGTGAATTTAGACTGTAGATCATACATTCAGTTCTTAAATTGGATGCCTCAA
GCACTGAAAATGCCAGAGCCTGAACTTATTGATCACGCAGGATTGGATTCTGCGGTTTACTTGCGC
ATTTACTTGATGGGACTTAAGATTTTTGTCCCTATAACTATCCTTGCTTGGGTTGTCCTGGTACCA
GTTAATTACACTAATAATGCTTTAGAGGCAGAGAAGATGGCGGCCAATGTGACTGCTAGTGACATC
GACAAACTTTCGATTTCAAATGTTCCACTTAAATCACAAAGATTCTGGGCTCATATAGTGATGGCT
TATGCCTTTACTTTCTGGACTTGCTATGTACTACTGAAGGAGTACGAGAAAGTTGCATCAATGAGG
TTGCAATTTCTTTCCTCAGAAAGACGTCGTCCAGATCAATTCACAGTCCTAGTTAGGAATGTACCT
CCAGATCCAGATGAATCTGTTAGTGAGCTTGTGGAGCACTTTTTTCTGGTGAATCATCCAGATCAT
TATCTCACTCAACAGGTGGTGTGCAATGCTAACAATCTAGCCAGCTTGGTGAAGAAGAATGAAGGC
ATGCAGAACTGGCTTGACTACTACCGCTTCAAGTATTCTAGAAATCGATCACAGAGGCCTCAGACG
AAGACTGGCTTTCTTGGTCTCTGGGGGGCAAAAGTAGATGCAATTGATTATTACATATCAGAGATT
GAGAAACTGTCGAAAGAAATAACAGAAGAAAGGGAAAAGGTTTTAAATGATCCGAATTGTATCATG
CCTGCTGCATTCGTTTCGTTCAAGACTCGATGGGGTGCAGCAGTTTGTGCACAAACTCAACAATCA
AGAAATCCAACTTTGTGGTTAACAGAGTGGGCTCCCGAGCCGCGCGATGTATATTGGCCAAACCTA
GCCATTCCATATGTGTCGCTCTCAGTTAGAAGGCTGATAATTGGAGTTTCGTTCTTTTTTCTTGCC
TTCTTTTTCATGATCCCTATTGCATTTGTTCAATCTCTAGCAAGTATTGAGGGAATTGAGAAAAGC
CTTCCCTTTTTGAAGCCTGTTATTGAAGTAGAATTTATCAAATCAGTTGTCCAAGGATTTCTACCT
GGGATTGCGCTAAAGCTCTTTCTTATCTTACTGCCGACGCTATTGATGATGATGTCTAAATTTGAA
GGCTTGACATCTCTATCATCTTTGGAAAGGAGATCAGCAATGAGATATTACATTTTCATCATTATC
AATGTGTTCCTCGGAAGCATACTCACCGGGGCTGCATTCGAACAGCTAGATTCTTTTATCAAGCAG
TCTGCCAGCGAAATTCCTAAAACAATTGGTGTAGCTATTCCGATGAAGGCAACTTTCTTCATAACC
TATATAATGGTTGATGGATGGGCTGGAATAGCTGGAGAAGTTCTAATGTTGAAACCATTGATAATT
TACCACTTGAAGAATTTCTTTTTGGTGAAGACTGAAAAAGATAGGAAAGAAGCGATGGATGCAGGC
AGTCTTGGCTTCAACACCGGCGAACCCCGTATACAGCTATACTTTCTGCTGGGGCTTGTATACGCA
CCAGTCACACCTATTCTCCTTCCATTCATAGTTATGTTCTTCGGCTTCGCTTATGTGGTGTACCGT
CATCAGATCATAAATGTTTACAACCAAGAGTATGAAAGTGGCGCCGCATTCTGGCCTGCTGTCCAT
GGTCGTGTTATTACTGCATTAGTAATCGCACAGCTGCTTATGATGGGACTGTTGAGCACAAAGCAA
GCATCCAGCACAACACCATTTCTCATTGCTCTTCCTGTCCTCACTATATGGTTCCATGTCTTCTGC
AACGGCCGCTATAAATCTGCGTTTGTCAAATATCCATTACAGGAAGCAATGATGAAAGATAGCCTG
GAACGAGCAAGTTCTCCAAACTTCAATTTCAGATCCTACCTCGAGAAAGCATATGTGCATCCAGTT
TTCAAAGGAGATGGCAACGATGATGATTATGAACAGTATCTGAGTGAAAACCAGGAAGCTGATGCT
GAGAATGTGTTAGTGCCTACAAGACGCCACTCTCGAAGAAATTCACCAGCAGTAAGCCGAGCAGCT
TCACCTGCTTTATCCGAGGAAGTTCAAAGCGTAGAGCATCGAGTGTGACACTTGCATGCCGATTAC
ATCTCATACTTGTTCTACAGTGGGCAAAGGAAGAAGGGCTAGCTGAAAAATTCTCACAGGAA

SEQ ID NO: 475, proteína - Populus trichocarpa

MATLEDIGVSAAINLLSALIFLFLFAILRLQPFNDRVYFPKWYLKGLRNSPSRSRALVSRFVNLDC
RSYIQFLNWMPQALKMPEPELIDHAGLDSAVYLRIYLMGLKIFVPITILAWVVLVFVNYTNNALEA

FIGURA 24 cont.

EKMAANVTASDIDKLSISNVPLKSQRFWAHIVMAYAFTFWTCYVLLKEYEKVASMRLQFLSSERRR
PDQFTVLVRNVPPDPDESVSELVEHFFLVNHPDHYLTQQVVCNANNLASLVKKNEGMQNWLDYYRF
KYSRNRSQRPQTKTGFLGLWGAKVDAIDYYISEIEKLSKEITEEREKVLNDPNCIMPAAFVSFKTR
WGAAVCAQTQQSRNPTLWLTEWAPEPRDVYWFNLAIFYVSLSVRRLIIGVSFFFLAFFFMIPIAFV
QSLASIEGIEKSLPFLKPVIEVEFIKSVVQGFLPGIALKLFLILLPTLLMMMSKFEGLTSLSSLER
RSAMRYYIFIIINVFLGSILTGAAFEQLDSFIKQSASEIPKTIGVAIFMKATFFITYIMVDGWAGI
AGEVLMLKPLIIYHLKNFFLVKTEKDPKEAMDAGSLGFNTGEPRIQLYFLLGLVYAPVTPILLFFI
VMFFGFAYVVYRHQIINVYNQEYESGAAFWPAVHGRVITALVIAQLLMMGLLSTKQASSTTPFLIA
LPVLTIWFHVFCNGRYKSAFVKYPLQEAMMKDSLERASSPNFNFRSYLEKAYVHPVFKGDGNDDDY
EQYLSENQEADAENVLVPTRRHSRRNSPAVSRAASPALSEEVQSVEHRV

SEQ ID NO: 476, DNA - Populus trichocarpa

TTTGTTTTGGTTCTTTTTTTGAAGGTATAAATGGCAACGCTTGCAGATATAGCGGTTTCGGGGGCT
ATAAATTTACTGAGTGCATTCATTTTCTTATTGGCATTTGCAATTTTGAGGCTACAACCCTTCAAT
GATAGAGTTTACTTTCCAAAATGGTATCTGAAGGGCTTAAGAAGCAGCCCCTCGCGCTCTGGGGCA
TTTGTTCGTAGGGTGGTGAATTTAGACTTTAGGTCATATATCCGGTTTTTAAATTGGATGCCGGAA
GCGCTTAAAATGCCGGAGCCTGAGCTTATTGATCATGCAGGGTTGGATTATGCTGTTTACTTGCGC
ATTTACTTGATGGGACTTAAAATTTTTGTGCCTATAACATTCCTTGCTTGGGCTATCCTGGTGCCA
GTCAATTACACTAATGATGCTCTAGAGGCAGCCAAGATGGTGGCCAATGTGACTGCTAGTGACATT
GACAAGCTTTCAATTTCGAATATACCACTTAAATCACAAAGATTTTGGACGCATATAGTGATGGCT
TATGCCTTTACTTTCTGGACGTGCTACGTGTTGCTAAGGGAGTATGAGAAAGTTGCTGCGATGAGG
TTGCAATTTCTTTCCTCAGAAAGACGTCGTCCAGATCAATTCACAGTCCTTGTTAGGAATGTACCT
CCAGATCCAGATGAAACTGTCAGTGAGCTTGTGGAGCACTTTTTTCTAGTGAATCATCCAGATCAT
TACCTCACTCATCGGGTGGTGTGCAATGCCAACAAACTAGCCAGCTTGGTGAAGAAGAAGAAAAAA
AAGCAGAACTGGCTTGACTACTACCAACTCAAGTACTCCAGGAATCAATCGCAGAGGCCTCAGATG
AAGACTGGTTTCCTTGGGCATTTTGGGGGAAAAGTGGATGCAATCGATCATCACATTTCAGAGATT
GAGGAACTGTCAAAAGAAATAGAAGAAGAGAGGACAAGGGTTTTAAAGGATCCAAAGTCTATCATG
CCAGCAGCATTTGTTTCATTCAAGACTCGATGGGGTGCAGCTGTGTGTGCACAAACTCAACAATCA
AGAAATCCAACTTTGTGGTTAACAGAGTGGGCTCCGGAGCCTCGCGATGTATATTGGCAAAACTTA
GCCATTCCATACATGTCACTCAAAGTTAAGAGGCTGATAATTGGAGTTGCTTTCTTTTTCCTTACC
TTCTTTTTCATGATACCTATTGCATCTGTACAAGCGCTAGCAAGTATTGAGGGAATAGAGAAAAGA
GCCCCTTTTCTGAAGTCTGTTATTGAAATAAAATTTATCAAATCTGTCATCCAAGGTTTTCTTCCT
GGCATTGCATTGAAGCTCTTCCTTATCTTCCTGCCAACAATATTGATGATCATGTCTAAGTTTGAA
GGCTTCGTATCTCTATCTTCTTTGGAAAGGAGATCAGCAACGAGATACTATATTTTCCTCATTATC
AACGTATTCCTAGGGAGCATACTCACTGGAGCCGCATTTGATCAGCTAAATGCTTTTATTAATCAG
TCTGCTAACGAAATTCCTAAAACAATTGGTGTAGCTGTTCCAATGAAAGCAACTTTCTTCATAACC
TATATAATGGTTGATGGATGGGCTGGGATTGCTGGGGAAGTTTTAATGTTGAAACCACTGATATTC
TACCACTTGAAAAATTTCCTTTTGGTGAAGACTGAAAAAGACAGGGAAGAGGCAATGGATCCTGGA
AGTCTTGGTTTTCACACCGGCGAACCCCGTATACAATTATATTTTCTGCTAGGGCTTGTATATGCA
ACAGTGACACCAGTTCTCCTTCCATTCATAGTTATTTTCTTCGCCTTCGCCTATTTAGTGTTCCGT
CATCAGATCATAAATGTTTACAACCACGAGTATGAAAGTGGTGCAGCATTCTGGCCTGATGTCCAT
GGGCGTGTTATTACTGCACTAGTAATCTCGCAGCTGGCTCTGATGGGACTGATGAGTACAAAAGAA
GCTGCACAGTCAACACCATTTCTCATTGCTCTCCCTGTCCTCACTATATGGTTTCATAGGTTCTGC
AATGGACGCCACAAATCTGCATTTGTCAAATATCCATTACAGGAAGCAATGATGAAAGATACCCTG
GAACGAGCAAGGGATCCAAACTTTAATCTGAAAGCCTACCTTCAGAGTGCTTATGTTCATCCAGTT
TTCAAAGGTGGTGATGATGATATTGATGAAGACGACCTTCTGAGCGGAAAGATGGAAACCGAGAGT
GTCTTAGTGCCTACAAAGCGCCAATCACGAAGAAATACACCAGCACCAAGCAAAATCAGCGGGGGA
TCCTCACCATCTTTGCCCGAGACAGTTAAAAATGGAGAGCCTTGAAACAGAGATCGTTACACGTGC
ATGACTACACCTCGCAGTACATTAGACACAATCCATTGCCAGGAGACAGTGATCCGTTG

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 477, proteína - Populus trichocarpa

MATLADIAVSGAINLLSAFIFLLAFAILRLQPFNDRVYFPKWYLKGLRSSPSRSGAFVRRVVNLDF
RSYIRFLNWMPEALKMPEPELIDHAGLDYAVYLRIYLMGLKIFVPITFLAWAILVPVNYTNDALEA
AKMVANVTASDIDKLSISNIPLKSQRFWTHIVMAYAFTFWTCYVLLREYEKVAAMRLQFLSSERRR
PDQFTVLVRNVPPDPDETVSELVEHFFLVNHPDHYLTHRVVCNANKLASLVKKKKKKQNWLDYYQL
KYSRNQSQRFQMKTGFLGHFGGKVDAIDHHISEIEELSKEIEEERTRVLKDPKSIMPAAFVSFKTR
WGAAVCAQTQQSRNPTLWLTEWAPEPRDVYWQNLAIPYMSLKVKRLIIGVAFFFLTFFFMIPIASV
QALASIEGIEKRAPFLKSVIEIKFIKSVIQGFLPGIALKLFLIFLPTILMIMSKFEGFVSLSSSLER
RSATRYYIFLIINVFLGSILTGAAFDQLNAFINQSANEIPKTIGVAVPMKATFFITYIMVDGWAGI
AGEVLMLKPLIFYHLKNFLLVKTEKDREEAMDPGSLGFHTGEPRIQLYFLLGLVYATVTPVLLPFI
VIFFAFAYLVFRHQIINVYNHEYESGAAFWPDVHGRVITALVISQLALMGLMSTKEAAQSTPFLIA
LPVLTIWFHRFCNGRHKSAFVKYPLQEAMMKDTLERARDPNFNLKAYLQSAYVHPVFKGGDDDIDE
DDLLSGKMETESVLVPTKRQSRRNTPAPSKISGGSSPSLPETVKNGEP

SEQ ID NO: 478, DNA - Populus trichocarpa

CTATCTCTCTCTGTCCTTCTATTGTCTACCATGGCAACTCTTCAGGACATAGGAGTCTCAGCTCTC
ATTAACATTCTTGGTGCTTTTGCATTCTTGCTAGCTTTTGCTCTCCTCAGAATCCAACCCATCAAT
GACAGAGTTTACTTTCCGAAGTGGTACATTAGTGGAGGAAGGAGCAACCCAAGAAGGGCTGGTAAC
TTTGTGGGCAAATTTGTCAACCTCAATGTCAAGACTTACTTTACTTTCTTGAATTGGATGCCTCAA
GCCTTGAAGATGACCGAAGCAGAGATTATCAATCATGCTGGTCTTGACTCTGCTGTTTTTTTGAGG
ATTTACACTCTCGGCTTAAAGATTTTTGTGCCAATTACAATCCTTGCGCTCTTAATTCTCATTCCA
GTGAATGTATCTAGCGGAACACTATTCTTCTTAAGGAAAGAATTGGTTATGAGTGACATTGACAAG
CTTTCGATATCAAATGTTCGTCCTCAATCCATAAGGCAAGTTTTTGCATTTGCATATGAAGAAAAG
GGAAAATCCATGATTATGTTTTTTATCCACATAGCATTGGAATATGCATTCACTATATGGATTTGC
TTCATGCTCTACAAAGAATACGATCATGTAGCATTGATGAGATTGCGCTTCTTGGCTTCAAAAAGA
AGACATGCTGAACAGTTCACTGTAGTGGTGAGGAATGTCCCACATGTTTCTGGCCGGTCAGTATTA
GACACAGTGGAACAATTTTTTCAAACAAACCATCCAAATACTTATCTTTGTCAGCAGGCCGTCTAT
AATGCAAACAAATTTGCAAAGCTTGTGAGAAAAAGAGATAGACTTCAAAATTGGCTCGATTACAAC
CAGCTTAAATTTGAAAGACATCCAGACAAGAGGCCCACTCGAAAGAATGGTTTTCTAGGACTTTGG
GGTGAAAGAGTTGATTCTATTGAACACTACAAACAACAAATGAAGCATTTGGAGAAAAACATGGCA
TCGGAACGCCAAACAATTCTCAAAGACTCAAAATCTATATTGCCAGTTTCTTTTGTTTCTTTTAAT
TCGCGTTGGGGGGCTGCTGTTTGTGCACAAACACAACAGAGCAAGAATCCGACTTTATGGTTGACA
AATTGGGCCCCAGAACCCCGTGATATTTATTGGCGTAATCTGGCTATACCGTTCATGTCATTGACA
GTCCGAAAGCTTATAATATCTGTGACAGTTTTTGCCTTGGTGTTTTTCTACATGATACCCATAGCT
TTTGTGCAATCCCTTGCAAACTTAGAGGGTCTCGAGAAAGTAGCTCCTTTCCTCAGGCCAGTCATA
GAATTGAAATTCATCAAGTCATTCCTACAAGGTTTCCTTCCTGGTCTAGCACTTAAAATCTTTTTG
TACATTCTACCAACAGTTTTGATGATAATGTCGAAAATCGAGGGATATATTGCACATTCAACTCTG
GAGCGAAGAGCAGCAGCAAAGTATTATTACTTTATGTTAGTGAACGTATTCTTGGGAAGCATAATT
GCTGGAACGGCTTTTGAGCAGCTGGATGCTTTTCTTCACCAATCACCAACCCAGATTCCTAGGACT
ATTGGGGTTTCCATACCAATGAAGGCTACCTTTTTCATTACATATATTATGGTTGATGGATGGGCT
GGTATTGCTGGAGAGATTCTCAGATTGAAGCCATTGATCATATTTCATCTTAAGAATATGTTTTTG
GTAAAGACTGAAAGAGACATAGAAAGGGCCATGGACCCTGGTAGTGTAGATTTCCCAGAGACTCTC
CCAAGCCTCCAACTATACTTTCTTTTGGGAATCGTGTATGCAGTGGTTACTCCAATACTGCTTCCT
TTTGTTCTAGTATTCTTTGCTTTTGCATACTTGGTTTACCGTCATCAGATAGTTAATGTCTACAAT
CAACAATACGAGAGTGCTGCTGCATTTTGGCCACATGTTCACAGCCGTATAATTGCAAGCTTATTG
ATATCTCAACTCTTACTTTTGGGCTTGCTCAGCACAAAAAAGGCAGCTAATTCCACTCCTTTGTTA
GTTATCTTGCCCGTATTGACGTTATCCTTCCACAAGTATTGCAAGATTCGCTTTGAGCCTGCATTT
AGGAAGTACCCTCTTGAGGAAGCCATGGCGAAAGATATAACAGACCGTACTGCAGAATCTGATATG

FIGURA 24 cont.

AACTTGAAAGCATATTTGGCTGATGCATATTTGCACCCAATTTTCCGTTCATTTGAAGAACCATTG
GTCGAGGTCAAGGTAGAAAAAAACAAACCACAAACTGCTAGTGATCGAATCAGTGAACTCAGCTCC
CCTTCTCCTCCACATCAAGTCAATCATCCTTCTTCCCCACCACATCAAGTCAATCATCCTTCTTCC
CCGCCACATTATGTCTATCATCCTTCTTCTCCACCTCAGCATGTCTATGACCCTTCCTCTCCATCC
CATTATGCGTATCATTACGAAAATGATATCTTTCATGCCCCCACCCCACCCCATTATGCCTATCAT
TACGAAAATGAGCCTTGATATTATGGAGCTACTAATCTACAAGATCGATTGCTAACCATTTTTTGT
TTTTGTTTTTAAATTCCCAATTTCGGCTGCTC

SEQ ID NO: 479, proteina - Populus trichocarpa

MATLQDIGVSALINILGAFAFLLAFALLRIQPINDRVYFPKWYISGGRSNPRRAGNFVGKFVNLNV
KTYFTFLNWMPQALKMTEAEIINHAGLDSAVFLRIYTLGLKIFVPITILALLILIPVNVSSGTLFF
LRKELVMSDIDKLSISNVRPQSIRQVFAFAYEEKGKSMIMFFIHIALEYAFTIWICFMLYKEYDHV
ALMRLRFLASKRRHAEQFTVVVRNVPHVSGRSVLDTVEQFFQTNHPNTYLCQQAVYNANKFAKLVR
KRDRLQNWLDYNQLKFERHPDKRPTRKNGFLGLWGERVDSIEHYKQQMKHLEKNMASERQTILKDS
KSILPVSFVSFNSRWGAAVCAQTQQSKNFTLWLTNWAFEFRDIYWRNLAIFFMSLTVRKLIISVTV
FALVFFYMIPIAFVQSLANLEGLEKVAFFLRPVIELKFIKSFLQGFLPGLALKIFLYILPTVLMIM
SKIEGYIAHSTLERRAAAKYYYFMLVNVFLGSIIAGTAFEQLDAFLHQSPTQIPRTIGVSIPMKAT
FFITYIMVDGWAGIAGEILRLKPLIIFHLKNMFLVKTERDIERAMDPGSVDFFETLPSLQLYFLLG
IVYAVVTPILLPFVLVFFAFAYLVYRHQIVNVYNQQYESAAAFWPHVHSRIIASLLISQLLLLGLL
STKKAANSTPLLVILPVLTLSFHKYCKIRFEPAFRKYPLEEAMAKDITDRTAESDMNLKAYLADAY
LHPIFRSFEEPLVEVKVEKNKPQTASDRISELSSPSPPHQVNHPSSPPHQVNHPSSPPHYVYHPSS
PPQHVYDPSSPSHYAYHYENDIFHAPTPPHYAYHYENEP

SEQ ID NO: 480, DNA - Populus trichocarpa

ATTTCACAGTAATTCTGTTCTGAGCGAGTGATGGATTTCTCATCTTTCTTGACGTCTTTAGGGACG
TCGTTTTTGATTTTCGTAGTGTTAATGCTTCTGTTTACATGGCTGTCGAGGAAGCCTGGAAACTCC
TTCGTGTATTACCCCAACCGGATCTTGAAAGGTCTGGAACCCTGGGATGGCGCGTCAAGATCCCGC
AACCCGTTTGCTTGGATCCGGGAAGCCTTCTCTTCCAGCGAGCAGGACGTTATAAACATGTCCGGT
GTAGACACTGCTGTCTACTTTGTCTTCTTGAGCACTGCTCTGGCAATATTGGTTTTGTCTGGCCTT
GTTCTGCTGCCGGTACTTCTGCCTGTTGCTGCCACCGACGACAATGTGAAAACACAAAAAGATAAA
GGCAATCAGAGTTTTAGTGACATTGACAAGTTATTAATGGGAAATGTTAAGGGGGGGAGTCCAAGG
CTGTGGGCATTCTTGATTGCTACCTATTGGGTTTCTCTTGTTACCTATTTCTTGCTATGGAAGGCG
TACGTGCATGTTTCTGGGCTGAGAGCAAATGCTCTAATGTCTCCTGAACTGACACCAGAGCAATTC
GCTGTTCTTGTCAGAGACATACCTCCTGTCCCTGAGGGCCGAACTAGAAAGGAACAGGTTGATTCA
TATTTTAAATCCATCTATCCTGAGACATTTTATAGATCAATGGTGGTGACAAACAACAAAGAGGTT
AACAAGATTTATATAGAGTTGGAAGGATACAAGAAGAAGCTTGCACATGCAGAAGCTGTATACGAT
GAATCCAAAAAAACAGGCAAACCAGAAGGATTGAGACCAACCATCAGAACTGGCCCCCTTGGTATT
GTTGGTAGAAAGGTAGATAGCATAGAGCACTACAATGAGAAGATTAAAGAGCTAATCCCAAAGTTG
GAAGCTGAACAGAAAGTCACTCTCCGGGAGAATCAACAAGCTTGTGCTTTTGCCTTCTTCACCAAT
AGGGTGACTGCAGCTTCTGCCGCCCAGAGTCTACATGCCCAAATGGTTGACACCTGGACTGTCATG
GAAGCCCCTGAACCACGTCAAATAATATGGTCTAATCTTAAAATTAAGTATTTTCAAAGGATAATC
CGGCAGTATGTTGTTTGTTTTATTGTGGCTCTGACCATATTGTTTTATATGATACCAATCGGGCTC
ATTTCCGCATTAACAACCCTGGATAATCTGAAGAAAATTCTCCCATTTTTAAAGCCAATTGTGAAT
ATTGTCGCAGTTAAGACGGTGCTGGAAGCGTACCTTCCTCAGATTGCACTCATTGTGTTTTTGGCA
CTGTTGCCCAAGTTACTTTTGGCTCTCTCCAAGGCTGAGGGAATTCCTTCAGTGGGCCATGCAGTA
AGGGCCACTTCTGGAAAATATTTCTATTTTACCATACTGAACGTTTTTATTGGAGTGACACTGGGT
GGCACCTTATTCACCACGTTCAAGAGCATTGAGGAGAAACCAAACTCCATTGTTAGTTTGCTTGCG
AGTAGCCTCCCGGGGAATGCAACTTTCTTCCTGACTTTTGTGGCTCTGAAGTTTTTCGTTGGCTAT

FIGURA 24 cont.

GGACTCGAGCTGTCTCGTATAGTTCCTCTAATCATTTTTCATCTAAAGAAGAAGTATCTTTGCAAG
ACCGAAGCGGAGTTAAAAGAAGCTTGGTTTCCTGGAGATTTAGGGTATGCAACCCGGATTCCTGGT
GACATGCTTGTTCTCACAATTGTTCTTTGCTACTCTGTCATAGCCCCTCTGATTATTCCATTTGGA
GTGGTGTACTTTGGCCTGGGATGGCTTGTCCTTAGGAATCAGGCACTCAAAGTATATGCTCCATCC
TTTGAGACCTATGGCAGGATGTGGCCCCACATCCACACAAGAGTCATTGCTGCTCTGATATTATTC
CAAGTTACAATGTTCGGTTATTTTGTGGTGAAGAAATTCTCCTTCAGTACTTTCTTACTAATTCCA
CTGCCGATACTTTCCTTGCTGTTCGCCTATGTCTGTCACAAGAAATTCTATCGATCTTTCTCTGAC
ACAGCCCTTGAAGTTGCTTGCCGTGAATTGAAGGAAATTCCTAACATGGAACGCATCTACAGATCT
TTTATCCCACCAAGCTTGAGCTCTGAAAAGGCCGATGATGACCACTTCGAAGATGCATTATCACAA
GTTTCAAGAGTCGGATCGTTTGCATGATATTACTGTGTTGGTAGCTAGCTAATTGCTCGATGAAGT
CTTGTAGTACCTTTAGCTTCTAAAACTTGGACCATTTGTCG

SEQ ID NO: 481, proteína - Populus trichocarpa

MDFSSFLTSLGTSFLIFVVLMLLFTWLSRKPGNSFVYYFNRILKGLEPWDGASRSRNPFAWIREAF
SSSEQDVINMSGVDTAVYFVFLSTALAILVLSGLVLLPVLLPVAATDDNVKTQKDKGNQSFSDIDK
LLMGNVKGGSPRLWAFLIATYWVSLVTYFLLWKAYVHVSGLRANALMSPELTPEQFAVLVRDIPPV
PEGRTRKEQVDSYFKSIYPETFYRSMVVTNNKEVNKIYIELEGYKKKLAHAEAVYDESKKTGKPEG
LRPTIRTGPLGIVGRKVDSIEHYNEKIKELIPKLEAEQKVTLRENQQACAFAFFTNRVTAASAAQS
LHAQMVDTWTVMEAPEPRQIIWSNLKIKYFQRIIRQYVVCFIVALTILFYMIPIGLISALTTLDNL
KKILPFLKPIVNIVAVKTVLEAYLPQIALIVFLALLPKLLLALSKAEGIPSVGHAVRATSGKYFYF
TILNVFIGVTLGGTLFTTFKSIEEKPNSIVSLLASSLPGNATFFLTFVALKFFVGYGLELSRIVFL
IIFHLKKKYLCKTEAELKEAWFFGDLGYATRIPGDMLVLTIVLCYSVIAPLIIPFGVVYFGLGWLV
LRNQAIKVYAPSFETYGRMWPHIHTRVIAALILFQVTMFGYFVVKKFSFSTFLLIPLPILSLLFAY
VCHKKFYRSFSDTALEVACRELKEIPNMERIYRSFIPFSLSSEKADDDHFEDALSQVSRVGSFA

SEQ ID NO: 482, DNA - Populus trichocarpa

ATTTTGGCAGATAAAAACAGTGGAGATTAGATGGACATTGGTGCCCTTTTAACTTCGGCCGCTATC
AATACAGGTTTATCTGTGTTGCTTTTTTCACTGTATTCAATATTGAGAAAACAACCAAGCAACACG
ATTGTGTATTTCGGGCGGAGGCTTGCTTCTTTAAACAACAGAAATAGCAGAAATCATTTCTCCTTC
GAAAGGTTTGTGCCCTCTCCCAGTTGGATCGTCAAGGCATGGGAAACAACAGAAAATGAAATCTTG
GCCATTGGTGGCCTTGATGCTGTGGTTTTCCAGAGGATACTTGTTTTCAGTTGTATACAGTATCAG
AGTCTTTTCTATTGCAGCTGTTACGTGTCTGTTCCTGGTGCTTCCAGTGAATTATTATGGGCAGGA
GATGAAACACAAGCATATCCATGCCGAGTCCCTCAATGTATTTACAATTGCAAATGTGAAAGAAGG
CTCCAGATGGCTTTGGGCACACTGTCTCGCATTATATATCATATCCTGCTCAGCTTGTGTTCTTCT
TTACTTTTTGTGTGTACCAATGTGTTAAGATTATTAACAACACCCCCTTCTCTCCAGGAATACAAA
AGCATCACCAAGATGAGGCTAGCACACATAACAACATCTCCTCCAAATCCAAGTCATTTTACCATT
CTTGTCCGTTCAATTCCATATTCAGTGGGAGAATCATACAGTAATTCTGTGAAGAAATTCTTTACA
AATTATTATGCATCGAGCTACTTGTCTCATCAAATTGTGTATCGATGTGGTTTAGTTCAAAAATTG
ATGGTTGATGCAGAAAAGATATGCATGAGGATTAAGGCTGCTCCCAAGGGCCAATCAAGTTTAAAG
CCATGTTGTCTGTGTGGAGGAAGTACTTCGTTTAAGGTCCTCACTGATGAACCAGAAAGTGTCAAG
GACAGTTTCAGTTATTCTAATTTGAATCTTGCCACCAGAGATAATGAGCGTTCTGCTGCTTTTGTT
ATTTTCAAGACCCGCTATGCTGCTGTGGTTGCCACACAGATGCTTCAATCACCAAATCCCATGTCA
TGGGTGACAGAATTGGCCCCAGAACCACATGATGTTTTATGGTCAAATCTCTGTATACCATTTAGA
CAGCTTTGGCTCCGGAAGATAGCAACTCTTCTGGCATCTATAGTCTTCATGGTTCTGTTTCTTGCT
CCAGTGACCTTTGTACAAGGCTTGACTCAACTAGAGAAGCTGTCACAAACATTTCCTTTTCTGAGA
GGGTTTCTAAAACATGTAGGAGACATTCCTGTAGAACTTGCCAAAGCAATACCAAATCAGGCTAGC
TTCTTTGTGACTTATGTTTTAACATCAGGTTGGGCAAGTCTGTCATGTGAAGTGATGCAACCTTTT
TCTCTCCTCTGCAATTTCCTTAAAAAACACCTTCTTAGAAACCATGAAGACTCATCTGATGGTCTT

FIGURA 24 cont.

GTGTCCTTTCCATACCATACTGAAGTTCCAAGAGTCTTGCTGTTTGGTCTCATTGGCTTCACCTAT
TCGGTTATGGCACCTTTAATATTGCCCTTCTTGCTGATTTACTTTTTACTGGCATATCTGGTATAT
CGAAATCAGATTGTCAATGTATACATAACAAAGTATGAAGGCGGTGGACAGTTGTGGCCTATTGTT
CACAACACCACAATCTTTTCATTGGTGCTGACACAAATGATATCTCTTGGTGTTTTTGGAATTAAA
AAATCTCCAGTCGCATCGGGTTTCACCATTCCATTGATAATTTGCACACTTCTATTTAATGAGTAT
TGCAGGCAGCGATTTTTCCCAATTTTTAAGAAGAATGTTGCACAGGTGATCATGAGGAACTGGTTT
GCTTTTGAATCTCTCTCTTCCTGTCTGTCCAAAGTTAATAAATTATTTTGTCCTGTTCAGGTTCTT
TTAGAGATGGATAGACGAGATGAGCAGTCTGGGCGGATGGAAGAGATCCATCAACAGTTGCATTCA
GCCTACTGTCAGTTACCGCTAACTTCCCATGAATTCTGTGAATCTGTACACAAGCTCTGTCAGGAC
AACATCCGAGGCCGAGAGGGCACCAAGTCAGGAAAAGAACCAAGTGAAGTAAGTGAACCCTGTGCT
GTCTGCAATTTTGGAAAAGAAGGTTCTATTGGGGAGTGATCTAGCTTATCCCCTGTACATATAAAC
GCCATCTACACACTGATGGTACTTTCCAGTGCAAAGGTATTTTGAAGAGAAGT

SEQ ID NO: 483, proteína - Populus trichocarpa

MDIGALLTSAAINTGLSVLLFSLYSILRKQPSNTIVYFGRRLASLNNRNSRNHFSFERFVPSPSWI
VKAWETTENEILAIGGLDAVVFQRILVFSCIQYQSLFYCSCYVSVFGASSELLWAGDETQAYPCRV
PQCIYNCKCERRLQMALGTLSRIIYHILLSLCSSLLFVCTNVLRLLTTPPSLQEYKSITKMRLAHI
TTSPPNPSHFTILVRSIPYSVGESYSNSVKKFFTNYYASSYLSHQIVYRCGLVQKLMVDAEKICMR
IKAAPKGQSSLKPCCLCGGSTSFKVLTDEPESVKDSFSYSNLNLATRDNERSAAFVIFKTRYAAVV
ATQMLQSPNFMSWVTELAPEPHDVLWSNLCIPFRQLWLRKIATLLASIVFMVLFLAFVTFVQGLTQ
LEKLSQTFPFLRGFLKHVGDIFVELAKAIPNQASFFVTYVLTSGWASLSCEVMQPFSLLCNFLKKH
LLRNHEDSSDGLVSFPYHTEVFRVLLFGLIGFTYSVMAPLILPFLLIYFLLAYLVYRNQIVNVYIT
KYEGGGQLWPIVHNTTIFSLVLTQMISLGVFGIKKSFVASGFTIPLIICTLLFNEYCRQRFFPIFK
KNVAQVIMRNWFAFESLSSCLSKVNKLFCPVQVLLEMDRRDEQSGRMEEIHQQLHSAYCQLPLTSH
EFCESVHKLCQDNIRGREGTKSGKEPSEVSEPCAVCNFGKEGSIGE

SEQ ID NO: 484, DNA - Populus trichocarpa

AAAGTGGATAGATAGATAGACAGAAAACATATGGCGACACTGAGTGATATAGGAGTAGCAGCAGCT
ATTAACATTCTCACTGCGTTTGCTTTCTTCTTCGCATTTGCAATTCTCCGGATTCAACCAGTCAAT
GATAGGGTCTACTTTCCCAAATGGTATATCAAGGGGTTAAGGAGCAGTCCTTTCGGCACTGGTGCC
TTTGTTGGCAAGGTTGTCAATTTGGACTTCAGGTCATATGTGAGGTTTCTCAACTGGATGCCTGCG
GCATTACATATGCCGGAACCTGAGCTCATTGACCATGCTGGATTGGACTCTGCTGTTTACTTGAGG
ATTTACCTGATAGGGCTTAAGATTTTTGTTCCTATTGCATTCCTGGCCTTCACTATCCTGGTGCCA
GTGAACTGGACAAATAGCACTTTGGAGCGTTCTAATTTGACTTACAGTGATTTAGATAAGCTCTCT
ATTTCAAATATACCCACAGGATCAAACAGATTCTGGACCCATTTGGTGATGGCCTATGCCTCTACC
TTTTGGACATGCTATGTGCTAAAAAAAGAGTATGAGATAGTGGCTAAAATGAGGTTGCATTTTCTT
GCATCAGAAAAACGACGTCCTGATCAATTTACAGTACTGGTTAGAAATGTGCCACCAGATGCTGAT
GAATCGGTTAGTGAACTCGTGGAGCACTTTTTCCTAGTCAACCATCCTAATGATTATCTCACTTAC
CAGGTTGTCTACAATGCTAATCAACTTTCTCACCTAGTCAACGAGAAGAAAAAGATGAAGAACTGG
CTTGACTATTATCAAATCAAATATTCAAGAAACAAATCCAGAATGCCCTCCCTCAAGACTGGTTTT
CTTGGCCTTTTCGGGACTAGGGTGGATGCAATTGATCATTATACATCTGAGATTGAGAGACTGTCT
AGAAAAATCTCCTTGGAGAGAGATGAGATTGTGAACAATGCCAAGGCAATCATGCCAGCAGCATTT
GTTTCCTTCAAAACTCGATGGGGAGCTGCTGTTTGTGCACAAACACAACAATCCAGAAATCCAGCT
ATGTGGTTGACTGAGTGGGCTCCTGAACCCCGTGATGTATACTGGGACAACCTCGCAATTCCATTT
GTTTCACTGGCACTAAGAAGGCTCGTTATCGCTGTCACATTTTTCTTCCTTACTTTCTTCTTTATG
GTTCCCATTGCATTTGTACAGTCCCTTGCAAACATTGAAGGAATTGAGAAAGCACTCCCGTTCCTG
AAACCTATAATTGAAATGAAAGTGATAAAGTCATTCATTCAAGGTTTCCTTCCTGGAATTGCTTTG
AAGATATTTCTTATTTTTCTACCCTCCATATTGATGCTAATGTCTAAATTTGAGGGATTCATTAGC

FIGURA 24 cont.

ATATCAGGCCTAGAGAGGAGATCTGCGGCTAGATATTATATCTTCCAGTTCATTAATGTATTTCTC
GGAAGCATAATCACCGGAACTGCATTTCAACAACTGGATAATTTTATCCACCAGTCTGCAACTGAA
ATACCAAAGACAATCGGAGTATCCATACCTATGAAAGCAACTTTCTTCATAACTTACATCATGGTT
GATGGGTGGGCTGGAGTTGCTGGGGAGATTTTAAGATTGAAACCCTTGATAATCTATCACCTGAAA
ATGTTTTTCATGGTGAAGACCGAAAAGGACATGGAAGAGGCGATGGATCCAGGAACTCTTGGTTTC
AACACAGGGGAACCACAAATACAACTTTATTTCTTACTTGGCCTCGTTTATGCTGTGGTGTCGCCC
ATCTTACTTCCTTTCATTATAGTATTCTTTGCCCTCGCATTTGTTGTGTATCGTCATCAGATTATA
AATGTTTACAATCAGGAGTATGAGAGTGCTGCAGCATTCTGGCCTGATGTCCATGGACGCATCATA
GTAGCAGTAATTGTCTCACAGCTGCTGCTAATGGGATTGTTAAGCACAAAAGAAGCGGCTCAGTCA
ACACCGTTGCTCATTACACTCCCAGTATTGACAATATGGTTCCATTTGTTCTGCAAAGGCCGTTAT
GAACCTGCTTTTGTTAGATATCCATTGCAGGAAGCAATGATGAAAGATACATTGGAACGCGCCAAA
GAGCCCAACCTGAACTTGAAAAGCTTCCTTCAAAACGCTTACATCCACCCAGTTTTTAAAGGCGAA
GACGATAGTGACAGCGATGAAGCGCCTGAAGAGTTTGAGAAAGAACCTGATCTGGTCCCAACAAAG
CGCCAGTCTCGAAGGAATACACCATTGCCAAGTAAGCATGGCTCGGCTGCATCCTCCCAGCCTGAA
GCTCAGGATTATCCACTACTTTGAAACTCGTGTGTAAATGCGAGTCCTTGGAAAATTAAGCTGGCT
GAGCTCAGAAGAGATTGTACATGGGATAGTAGGCTAAG

SEQ ID NO: 485, proteina - Populus trichocarpa

MATLSDIGVAAAINILTAFAFFFAFAILRIQFVNDRVYFPKWYIKGLRSSPFGTGAFVGKVVNLDF
RSYVRFLNWMPAALHMPEPELIDHAGLDSAVYLRIYLIGLKIFVPIAFLAFTILVPVNWTNSTLER
SNLTYSDLDKLSISNIPTGSNRFWTHLVMAYASTFWTCYVLKKEYEIVAKMRLHFLASEKRRPDQF
TVLVRNVPPDADESVSELVEHFFLVNHPNDYLTYQVVYNANQLSHLVNEKKKMKNWLDYYQIKYSR
NKSRMFSLKTGFLGLFGTRVDAIDHYTSEIERLSRKISLERDEIVNNAKAIMPAAFVSFKTFWGAA
VCAQTQQSRNFAMWLTEWAPEPRDVYWDNLAIPFVSLALRRLVIAVTFFFLTFFFMVPIAFVQSLA
NIEGIEKALPFLKPIIEMKVIKSFIQGFLPGIALKIFLIFLPSILMLMSKFEGFISISGLERRSAA
RYYIFQFINVFLGSIITGTAFQQLDNFIHQSATEIPKTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGEI
LRLKPLIIYHLKMFFMVKTEKDMEEAMDPGTLGFNTGEPQIQLYFLLGLVYAVVSPILLPFIIVFF
ALAFVVYRHQIINVVNQEYESAAAFWPDVHGRIIVAVIVSQLLLMGLLSTKEAAQSTPLLITLPVL
TIWFHLFCKGRYEPAFVRYPLQEAMMKDTLERAKEPNLNLKSFLQNAYIHPVFKGEDDSDSDEAPE
EFEKEPDLVPTKRQSRRNTPLPSKHGSAASSQPEAQDYPLL

SEQ ID NO: 486, DNA - Populus trichocarpa

TGGTAGTGAGTCTGAATCTGAGTGATCAAAATGAATCCAGAAAGTCTTACTGCATCGGCAGCCATT
AACTTTGGCTTGGCATTCATAGTTCTCTCACTCTTCTCCATTTTCAAGAAACAACCTTCTAATGCC
TCCATTTACTACGCTCGTCGCCTCTCCAAACGACACCATGATCACTTTGAGCAGTCTTTCACTCTT
TCCCGCTTTCTTCCTTCAGTTGCTTGGATTCCTCGTGCTTTTCGAGTCACTGAAGATGAAGTTCTT
GATATTGGTGGCCTTGATGCTCTCATCATTATCAGACTCTTCAAATTTGGGATATATTTCTTTGGA
ATTTGTTCTCTTATTGGATTAGTGGTACTTCTGCCAATCAATTTCGGTGACCAAGATGAACAATCT
AGCATCTACCATTCCATGGATCCTTTCACAATATCAAATATTAGTGCAGGTTCGAACAGGTTGGGT
TTCCCATCTTGCTTATGGTTGTTCAGGCTTTGGGTGCATTTTACGTGCTTGTGGTTGATATCATTT
TATGGATTATATCTGTTGTACAAGGAATATGACGGAATTTCGGTTAAACGGATCCAACTACTTCGG
AACCTAAGGCATCAACCTGATCGGTTTAATGTTCTTGTTCGGCAAGTTCCCTTCTGCAATGAACAC
AACGCTTATGGGTGCTCTGTTGATCACTTCTTCTCTAAACATCATCCTAACAGTTACTGTTCTTAT
CAGATGATATATGATGGAAAAGATATCGAAGATCTGCTGCACCAAGCAAAATATGTTGCGAGAAAG
ATAGAGGACATGAGAGGAAAGCTCACAGTTAAGAAACGCGACAAGGAAAGCTTACTCTTAGATGTA
TCTCAAGAAGATGATGTGAAAATAGCTTTGTTTGAGGAAAAGCAGCAAGAAAATGTTCGTAAGATT
CGTCAATTACAGAACGAAAGTATGCTGAAAGGAAAGGAGTTGCCTGTTGCCTTTGTTACATTCAAG
TCCCGACGTGGTGCAGCATTAGTTTCCCAAACTCAACAGCACTCACATCCACTCATATGGATCACG

FIGURA 24 cont.

GAAATGGCTCCAGAACCAAGGGATGTATCATGGAGGAGTCTGGAAATTCCCTTTAAGATTTTGCCA
CTTTGCAAAATCGGGGTCGTTGTTGCAGCATCTCTCCTCACAATTTTCTTTGCAGTCCCAGTTACA
GCTGTTCAAGGAATAGCTAAACTTGAGAAACTTAAGAAATGGTTCCCCCCAGCCATGGCTATGGAG
CTAATACCAGGATTAAGCTCCATTATTACAGGGTATCTTCCAAGTGCCATTCTCAAAGGCTTTATA
TATGTTGTTCCCTTTGCAATGCTTGGCATGGCTAAATTAGGCGGTTCGATTTCAAAGAGCAAGGAG
GAGATTAAAGCTTGCAATATGGTTTTCTACTTTCTCGTGGGAAATGTATTCTTTTTGAGTTTGATA
TCAGGATCCCTACTTGATGAGCTTGGAGAATATTTTACCCACCCTAGGAGTATTCCTAGTCATCTT
GCCAGTGCTGTCTCTTCTCAAGCTGATTTTTTCGTGACATACATCTTAACAGATGGGTTGTCAGGA
TTTTCTTTGGAAATCCTTCAGCCCGGCTTGCTTGTTTGGGATGCCGTGAAATCACACACAGTTGGC
GGATCAGGAGACGAGGAAAATCCTTACCTTTATTCATTGCCCTATTTTAGAATCATCCCTTCAGTC
TCCCTATCAATACTCATTGGTATGGTATATGCAGTTGTCGCTCCATTGCTGCTTCCATTTCTTGTT
GGCTACTTCTATCTAGGCTACGTTGTATATGTCAACCAGATTGAAGATGTTTACGAAACTGCTTAT
GATACATGCGGACAGTATTGGCCATACGTTCATCATTATATATTCGTCGGAATCATTCTTATGCAA
ATCACCATGATTGGTCTTTTTGGGCTGAAGTCAAAACCTTCTGCTTCCATAGCCACAATTCCACTC
TTATTGCTTACTATAATGTTCAATGAGTACTGCAAGATACGTTTTCTACCTACTTTTCGCCACTAT
TCTGTTAAGGATGCGGATGAACATGATGAACTAGATAGGAAGTTCGGTAAGATGGAAATAAATTGT
GAGAATGCCAGAAGTGCCTATTGTCAGCCCACTTTACAACCAGCAAACTTCATGGCATCAAAGTCT
ACTTCCTCGCAGCCATTGGTTTCTTCATTGTGATATCTTAACATTGTAATTCATTTTCTTCCTTTC
TCTTGTACTTTCGAGTACATTCACCTGAGTTTTCCGAAAAATTATTA

SEQ ID NO: 487, proteína - Populus trichocarpa

MNPESLTASAAINFGLAFIVLSLFSIFKKQPSNASIYYARRLSKRHHDHFEQSFTLSRFLPSVAWI
FRAFFVTEDEVLDIGGLDALIIIRLFKFGIYFFGICSLIGLVVLLPINFGDQDEQSSIYHSMDPFT
ISNISAGSNRLGFPSCLWLFRLWVHFTCLWLISFYGLYLLYKEYDGISVKRIQLLRNLRHQPDRFN
VLVRQVPFCNEHNAYGCSVDHFFSKHHPNSYCSYQMIYDGKDIEDLLHQAKYVARKIEDMRGKLIV
KKRDKESLLLDVSQEDDVKIALFEEKQQENVRKIRQLQNESMLKGKELPVAFVTFKSRRGAALVSQ
TQQHSHPLIWITEMAFEPRDVSWRSLEIPFKILPLCKIGVVVAASLLTIFFAVPVTAVQGIAKLEK
LKKWFPPAMAMELIPGLSSIITGYLPSAILKGFIYVVPFAMLGMAKLGGSISKSKEEIKACNMVFY
FLVGNVFFLSLISGSLLDELGEYFTHPRSIPSHLASAVSSQADFFVTYILTDGLSGFSLEILQPGL
LVWDAVKSHTVGGSGDEENPYLYSLPYFRIIPSVSLSILIGMVYAVVAPLLLPFLVGYFYLGYVVY
VNQIEDVYETAYDTCGQYWPYVHHYIFVGIILMQITMIGLFGLKSKPSASIATIPLLLLTIMFNEY
CKIRFLPTFRHYSVKDADEHDELDRKFGKMEINCENARSAYCQPTLQFANFMASKSTSSQPLVSSL

SEQ ID NO: 488, DNA - Populus trichocarpa

CCACTCAAAATTGTTGATAAAAATTGCTTAATGCATGTATTTGATGCCCATATGTTTCAGATGGCA
TCGGAGCGCCAAAAAATTCTTGAAGACTCAAAATCTATCTTGCCAGTTTCTTTTGTTTCTTTTAAT
TCACGCTGGGGGGCAGCTGTTTGTGCACAAACACAACAAAGCAAGAACCCAACATTATGGCTGACA
AATTGGGCTCCAGAACCTCGCGATATCTATTGGCGTAATTTGGCTATACCATTCGTGTCACTGACT
GTTCGAAAGCTTATAATATCTTTGTCAGTGTTTGCTTTGGTGTTTTTCTACATGATACCTATAGCT
TTTGTGCAATCCCTTGCAAATTTAGAGGGTCTTGAGAAAGTTGCTCCTTTCCTTAGGCCGGTCATA
GAACTGAAATTCATCAAGTCATTCCTACAGGGTTTCCTTCCTGGTCTTGCACTTAAAATCTTTTTG
TATATACTACCAGCGGTTTTGATGATAATGTCAAAAATCGAGGGATATATTGCACATTCAACTTTG
GAGCGAAGAGCAGCAGCAAAGTATTATTACTTTATGTTAGTGAATGTATTCTTGGGGAGCATAATA
GCTGGAACGGCATTCGAGCAGCTGGATGCTTTCCTTCACCAATCACCAACCCAGATTCCTAGAACT
ATTGGGGTTTCCATACCAATGAAGGCTACCTTTTTCATTACATATATAATGGTTGATGGATGGGCT
GGTATTGCTGGAGAGATTCTCAGATTGAAGCCATTGATCATATTTCATCTTAAGAACATGTTTTTG
GTAAAGACTGAAAGAGACAGAGAAAAGGCCATGAATCCTGGTAGTGTAGATTTCCCAGAGACTCTC
CCAAGCCTCCAACTATACTTTCTTTTGGGAATCGTATATGCTGTGGTTACTCCAATACTGCTTCCC

FIGURA 24 cont.

TTTATTCTAGTATTCTTTGCTTTCGCATACTTGGTTTACCGTCATCAGATAATCAATGTCTACAAT
CAACAATACGAGAGTGCTGCTGCATTTTGGCCACATGTTCACAGCCGTATAATTGCAAGTTTATTG
ATATCTCAACTTTTACTTTTGGGCTTGCTTAGTACAAAAAAAGCAGCCAATTCCACTCCTTTGTTA
GTTATCTTGCCCATATTGACATTATCTTTCCACAAGTTCTGTAAGAGTCGCTTCGAACCTGCATTT
AGGAGGTACCCTCTTGAGGAAGCCATGGAGAAAGACATATTAGATCGAACTACAGAATCTGATATA
AACTTGAAAGCATACTTGGCTGATGCATATTTGCACCCAATTTTCCACTCATTTGAGGAAGAAGAG
TTAGTTGAGGTTGAGGTTAAGGTTGAAAGAAACAAATCGCATACTGCAAGTGATCCAACCACCGAA
ATCAACCCCCCCTCTCCACCACATCAAGTCAACCATCCTTTTTCCCCACCGCATTACATGTATCAT
CCTTCTTCTCCACCTCAGCATGTCTATGAGCCTTCCTCTCCATCCCATTATGCCTATCATTACGAA
AATGATATCTACCATCCTCCCTCTCCACCCCATTATGCCTATCATTATGAAAACGAGCCTTGATAT
TATGGAGGTACTAATCTACAAGTTCAACTGCTAACCCTTTTTTGTTTTTATTTTTCTCCAAATTTC
TAATTTCCACG

SEQ ID NO: 489, proteína - Populus trichocarpa

MHVFDAHMFQMASERQKILEDSKSILPVSFVSFNSRWGAAVCAQTQQSKNPTLWLTNWAPEPRDIY
WRNLAIPFVSLTVRKLIISLSVFALVFFYMIPIAFVQSLANLEGLEKVAPFLRPVIELKFIKSFLQ
GFLPGLALKIFLYILPAVLMIMSKIEGYIAHSTLERRAAAKYVYFMLVNVFLGSIIAGTAFEQLDA
FLHQSPTQIPRTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGIAGEILRLKPLIIFHLKNMFLVKTERDREKA
MNPGSVDFPETLPSLQLYFLLGIVYAVVTPILLPFILVFFAFAYLVYRHQIINVYNQQYESAAAFW
PHVHSRIIASLLISQLLLLGLLSTKKAANSTPLLVILPILTLSFHKFCKSRFEPAFRRYPLEEAME
KDILDRTTESDINLKAYLADAYLHPIFHSFEEEELVEVEVKVERNKSHTASDPTTEINPPSPPHQV
NHPFSPPHYMYHPSSPPQHVYEPSSPSHYAYHYENDIYHPPSPPHYAYHYENEP

SEQ ID NO: 490, DNA - Populus trichocarpa

ATTTGTGAGCTTCTTTTGAAGAAAAAAAAAATGATACTTTCAGCTCTTTTAACTTCAGTTGGAATC
AATCTTGGACTGTGCTTGTTGTTTTTCACTTTGTATTCAATATTGAGGAAGCAACCTGGTAATTTT
TACGTGTATGCACCCCGTTTGGTCGATAAAGAGAAATCTCAGCCACAGGAGAGTGATGATTTTTAC
TTGGAAAGGTTATTGCCTTCTGCTGGTTGGGTTAGAAATGCTTGGCAGCTTTCTGAAGATGAAATC
TTGTCAATTTCGGGTTTAGATGGTCTCGTGTTAACTCGGATCTTCACCTTCAGCTTGAAAGTGTTC
ACCGTTGCTGGGGTTATTGGAATCTCCATCCTTCTTCCAATTAATTATTTTGGGAACCAGCTAAGT
GATGATTTTGGCCATTTGCCGAACAAGTCTTTGGATTCATTTAGTATATCAAATGTCAATGACGGT
TCAAACAGGTTATGGGTTCACTTTTCTGCTGCATATATTTTTACTGGAGTTGTCTGCTATCTTCTG
TATTACGAGCATAACTATATGTCAGCAAAAAGGATTGCTTACTTCTATTCATCCAAACCGCAGCCT
CATCAGTTTACAATATTAGTCCGCAGTATCCCTTCCTCATCTGGAAAAAACTTTAGTGAAACTGTT
GAGAGTTTTTTCACAGAGTATCATCCTTCTACTTATCTTTCACATTCAATGGTTCATCGAACAAGC
AAAATTCAAGATCTCATTAATGATGCGGACAAATTGTATAGAAAGCTTGACTGCATGAAATCAAAC
AACCATTCTCAGCAAAACTTCAGACGTGATGGCTTTTTAGGACTCACTGGACGCAAAGTTAATCTT
TTAGACCTCTATGAAAAGAAGTTGGAAGATTTGGAAGATAATTTGAGGAAGGAGCAAAATTTATTG
GCTGGAGAGGAAGTTCCAGCCGCTTTTGTTTCATTCAAGTCGCGGTTTGGTGCTGCAGTAGCCTTA
CACATCCAACAGGGGGTTAATCCCACAGAATGGGTCACTGAGCGAGCTCCTGAGCCTCAGGATGTT
CACTGGGCTTTCTTTTCTGCATCATTCATTAAAAGATGGATCTTCAAACTGGTGAACTGTTGTCAG
TCAAGTAATTACAGGATATCTTCCAAGTCTCATTCTGCAGTTATTTCTTTCTTTTGTTCCACCAAT
TATGTTAACATTTTCCGCCATTCAAGGATACATTTCTCGCAGTCAAATAGAAAGAAGTTCTTGTTC
CAAGATGCTATGGTTTATCATATGGAACATCTTCTTTGCAAATGTACTGTCAGGGTCAGCTTTGTA
TCTAGTCAATGTCTTCCTTGAGCCCAAAAATATTCCCAGGGTGCTAGCTGAAGCTGTCCCAGGTCA
GGTGGGAATGCATCTCTGTTCTGTATATTCTTTTA

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 491, proteina - Populus trichocarpa

MILSALLTSVGINLGLCLLFFTLYSILRKQPGNFYVYAPRLVDKEKSQPQESDDFYLERLLPSAGW
VRNAWQLSEDEILSISGLDGLVLTRIFTFSLKVFTVAGVIGISILLPINYFGNQLSDDFGHLPNKS
LDSFSISNVNDGSNRLWVHFSAAYIFTGVVCYLLYYEHNYMSAKRIAYFYSSKPQPHQFTILVRSI
PSSSGKNFSETVESFFTEYHFSTYLSHSMVHRTSKIQDLINDADKLYRKLDCMKSNNHSQQNFRRD
GFLGLTGRKVNLLDLYEKKLEDLEDNLRKEQNLLAGEEVFAAFVSFKSRFGAAVALHIQQGVNPTE
WVTERAPEPQDVHWAFFSASFIKRWIFKLVNCCQSSNYRISSKSHSAVISFFCSTNYVNIFRHSRI
HFSQSNRKKFLFQDAMVYHMEHLLCKCTVRVSFVSSQCLP

SEQ ID NO: 492, DNA - Populus trichocarpa

TTTTGGAGGTTTTGAGATTGGTATGCTGAAATGCTCGTTTCCGCTATTCTAACATCAGTGGGGATA
AACTCTGCTCTATGTGTTCTATTCGTTGTACTGTACTCTATACTGAAGAAACAACCAAGTTATTAT
GAAGTTTATATACCGCGCTTGCTGACGGAAGGGAATTCTAAACGGAGAAGCCGTTTCAACCTTGAA
AGGCTAATACCATCTACTGGCTGGTTGCCCAAGGCATGGAAACTATCGGAAGAGGAAATGTTGTCT
TCTTCAGGCTTGGACGCCGTGGTGTATATGCGAACTATAACTTTCTGTTTGAAAGTATTTTCATTC
GCTGGGATAATAGGGATATTTATTCTTCTTCCAGTGAACTGTTCGGGGACTGAGCTTCACCAAATT
GACTTCGAAGATTTGTATAGTAATTCTCTGGATGTATTCACCATTTCAAATGTAAATCGAGGCTCA
AAGTGGTTATGGATTCACTTCTCTTCTGTATATGCTATCACTATTTTCATCTGCTATCTACTTTAT
CATGAATATAACTATATTTCTTCAAAAAGGATTGCGTATTTTTATTCATCCAAACCTCAGCCACAT
CAGTTCACCATCTTAGTTCGCAATATCCCTGTCTCAGCTGGAAGCAGTGTCAGTGACAGTGTCGAG
AGCTTCTTTACCGAGTATTACCCTACCACATATCTGTCACATATAGTTGTTCGCCGAACTAGCAAA
GTTCAGAGCCTCATTAATGATGCAAAGCAATTATACAGGAGGCTTCTTCACTTGCAATCAGAACCA
TCTGAGCAGAAGTATAAGCAAGTTGGATTGTTTGAAAAAAAGGTTGATCTTTTGGATCATTATGGG
AAGAGGTTAGAAGACTTAGAGCAGAATGCGAGATTGGAGCAATCTGAGGTATCATTGGCAAAAGAC
ACTCATGCTGCCTTTGTGTCCTTCAAGACTCGGTATGGTGCTTCCACTGTTTTCCACCTGCAACAA
TCAACCAACCCCACACATTGGCTCACAGAAGAAGCTCCTCAACCAAATGACGTCTTTTGGCCTTTT
TTTTCTTCATCATTCATGGGAAGATGGATTTCTAAGCTTTTGGTTGTAGTTGCGTGTATTCTTCTT
ACAATTTTGTTCCTTATTCCTGTTGTAGTTGTACAAGGTCTTACTAACCTGAGTCAGCTGGAAGTT
TGGTTTCCATTCCTCAAAAGCATTCTAACCTTAGCATTTGTCAGTCAAATAGTTACAGGATATCTT
CCTAGTCTGATTCTTATGTTGTTCCTAAAGATCGTGCCCCCAATCATGGAGTTCCTCTCCTCCATT
CAAGGATACATTTCTCATAGCGAGATAGAGAGGAGTGCATGCAACAAAGTACTCTGGTTCACAGTA
TGGAACATCTTCTTCGCCACTGTATTTTCCGGTTCCGTGTTAAATCAGATTTCCATTGCTCTTGAT
CCCAAGAATATTCCTACAAAACTGGCTGTTGTTGTTCCAGCACAGGCATCATTTTTCATTGCTTAT
GTTGTCACATCTGGATGGACAAGCACTTCATCGGAACTTTTTCGCATAATCCCTCTAATTTGCAGT
CTAATGACGAAGTGTTGTGCTGAAAGTACAGATGATGAAATTGAAGTTCCATCTATTCCTTATCAC
AGGGACATTCCCAGGATTCTTTTCTTTGGACTTCTTGGTATTGCATATTTCTTCTTAGCTCCCGTC
ATTCTGCCCTTCCTTCTGGTGTACTTCTGTCTTGCATACATCATCTTCCGTAACCAGTTCATAAAT
GTATATGCTCCCAAGCACGAAACTGCAGGGAAGTTTTGGCCTATCGTACACAATTTGGTGATATTT
TCTCTGGTACTCATGCATGCGATTGCAGTGGGAATCTTTTCTCTGAAGAAGCTCTCTCTCGCATCA
ACCTTAGTCTTACCTCTTCCAGTTCTCACGCTTCTGTTTAATGAGTACTGCAGGAAACGCTTCCTC
CCCATTTTTACAGCTTATCCAGCTGAGATATTGATAAAGAAGGACAGGGAAGATCAAAATGATGCT
ACGATGTCTGAATTTTTTGATAAATTGGCCACCACCTATCAGGACCCGGCTCTAATGCCGATTCAG
TACTCTGCAGACAGTGAAAGTCTTAACAGACCGCTTATACCATCTGCTGAAATGTCAATGTGAGGT
TGTCTTTGCACTGTATTGACTATTGAGCTGAATAGTAGTGGTGGTTTCTATTATCAACCACCATTT
CCATATGCTAC

SEQ ID NO: 493, proteina - Populus trichocarpa

MLVSAILTSVGINSALCVLFVVLYSILKKQPSYYEVYIPRLLTEGNSKRRSRFNLERLIPSTGWLP
KAWKLSEEEMLSSSGLDAVVYMRTITFCLKVFSFAGIIGIFILLPVNCSGTELHQIDFEDLYSNSL

FIGURA 24 cont.

DVFTISNVNRGSKWLWIHFSSVYAITIFICYLLYHEYNYISSKRIAYFYSSKFQPHQFTILVRNIP
VSAGSSVSDSVESFFTEYYPTTYLSHIVVRRTSKVQSLINDAKQLYRRLLHLQSEPSEQKYKQVGL
FEKKVDLLDHYGKRLEDLEQNARLEQSEVSLAKDTHAAFVSFKTRYGASTVFHLQQSTNPTHWLTE
EAFQFNDVFWPFFSSSFMGRWISKLLVVVACILLTILFLIPVVVVQGLTNLSQLEVWFPFLKSILT
LAFVSQIVTGYLPSLILMLFLKIVPPIMEFLSSIQGYISHSEIERSACNKVLWFTVWNIFFATVFS
GSVLNQISIALDFKNIPTKLAVVVPAQASFFIAYVVTSGWTSTSSELFRIIPLICSLMTKCCAEST
DDEIEVPSIPYHRDIPRILFFGLLGIAYFFLAPVILPFLLVYFCLAYIIFRNQFINVYAPKHETAG
KFWPIVHNLVIFSLVLMHAIAVGLFSLKKLSLASTLVLPLPVLTLLFNEYCRKRFLPIFTAYPAEI
LIKKDREDQNDATMSEFFDKLATTYQDPALMPIQYSADSESLNRFLIPSAEMSM

SEQ ID NO: 494, DNA - Populus trichocarpa

TTCTTTTTGAAGAGTAAGTAGGAAACTTAAATGAATTGTAATAGCCACGTCTTGGCCAGAGGTAGA
GGAGTGAGTGAGCTTGTCTTTCTTCCAAAATTAGCTTTTTTTCTGGTGAATCATCCAGATCATTAT
CTCTCTCACCAGGTGGTGTGCAATGCTAACAATCTAGCCAGCTTGGTCAAGAAGAAGGAAAGCAAA
CAGAACTGGCTTGACTACTACCAAAACAATTTTGACCTCAATTTTTACTCTTCTCTGCTGTTTCAG
ACTGGCTTTCTTGGGCTTTGGGGGGCAAAAGTGGATGCAATTGATCATCATGTGTCGGAAATTGAG
AAACTGTCAAAAGAAATAGCAGAAGATAGGGAAAAGATTTTAAATGATCCGAATTCTATCATGCCA
GCTGCATTCGTTTCGTTCAAGACTCGATGGGGTGCAGCGTTTTGTGCACAAACTCAACAATCAAGA
AATCCAACTTTGTGGTTAACAGAGTGGGCTCCTGAGCCTCGCGATGTGTATTGGGAAAACTTAGCC
ATTCCATATGTGTCACTTTCTGTTAGGAGGCTGATAGTTGGAGTTTCATTTTTTCTTGCCTTCTTA
TTCTTGATCCCTATTGCATTTGTACAATCTCTAGCAAGCATTGAGGGAATTGAGAAAAACCTTCCC
CTTTTGAAGCCTGTTATTGAAATAGAATTTATCAAATCAGTTGCCCAAGGATTTCTACCTGGGATT
GCACTGAAACTCTTTCTCACCTTCCTGCCGACAGTATTGATGATGATGTCTAAATTGGAAGGCTTC
ATGTCTCTATCATCTTTGGAAAGGATATCAGCAATGAGATATTACATTTTCATCATTATTGATGTG
TTCCTTGGAAGCATACTCACCGGGGCTGTGTTCGAACAGCTAAATTCTTTTATCAATCAAATTCCT
GAAACAATCAGTGTAGCTATTCCAATGAAAGCAACTTTCTTCATAACCTATTTAATGGTTGATGGA
TGGGCTGGAATGGCTGGAGAAATTCTAATGCTGAAACCACTGATAATTTACCACTTGAAGAATATC
TTTTTGGTGAAGACTGAGAAAGACAGGCAAGAGGCAATGGATGCTGGTAGTCTTGGTTTCAACACC
AGCGAAACCCGTATGCAGTTATATTTTCTGTTGGGGCTTGTAAACGCAGCAGTCACGCCTATTCTC
CTTCCATTTATAGTTATTTTCTTCAGCTTTTCTTATGTAGTATTCCGTCATCAGATCATAAATGTT
TACAACCAAGAGTATGAAAGTGGCGCCGTGTTCTGGCCTTCTGTCCATGGGCGTATTATTACTGCA
CTTGTAATCTCACAGCTGCTTATGATGGGACTGTTGAGTACAAAGCAAGCTTCCCAGTCAACACCA
TTTGCCATTGCTCTTCCTGAAGCAATGATGAAAGATACCCTGGAACGATCAAGTTCTCTGAACTTT
AATTTCAAATCCTACCTTCAGAATGCATATATCCATCCAGTTTTCAAAGGTGGTGATGATGATTGT
GCCGAGTATCTGAGCGAAAAGTTAGAAACTGATAGTGACAGTGTTTTAGTGCCTACAGTTCGCCAA
TCGCAAAGAAATACACCAGCAATAAGAAGTAGATCATCCTCACCGGCTTTATCCGATGAAGATAGA
ACAGTAGAGCCTGAAGTATGAAACTTACAAGCCAACATCTCCTTGCATGGCATATTGCAATGACAT
GAGACAGCTGGATTAGGCATTACCTTTGTGTATTT

SEQ ID NO: 495, proteína - Populus trichocarpa

MNCNSHVLARGRGVSELVFLPKLAFFLVNHPDHYLSHQVVCNANNLASLVKKKESKQNWLDYYQNN
FDLNFYSSLLFQTGFLGLWGAKVDAIDHHVSEIEKLSKEIAEDREKILNDFNSIMPAAFVSFKTRW
GAAFCAQTQQSRNPTLWLTEWAPEPRDVYWENLAIPYVSLSVRRLIVGVSFFLAFLFLIPIAFVQS
LASIEGIEKNLPLLKPVIEIEFIKSVAQGFLPGIALKLFLTFLPTVLMMMSKLEGFMSLSSLERIS
AMRYYIFIIIDVFLGSILTGAVFEQLNSFINQIPETISVAIPMKATFFITYLMVDGWAGMAGEILM
LKPLIIYHLKNIFLVKTEKDRQEAMDAGSLGFNTSETRMQLYFLLGLVNAAVTPILLPFIVIFFSF
SYVVFRHQIINVYNQEYESGAVFWPSVHGRIITALVISQLLMMGLLSTKQASQSTPFAIALPEAMM
KDTLERSSSLNFNFKSYLQNAYIHPVFKGGDDDCAEYLSEKLETDSDSVLVPTVRQSQRNTPAIRS
RSSSPALSDEDRTVEPEV

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 496, DNA - Populus trichocarpa

TTTGTTTTGGTTTTTTTGTTGAAGGTATCAATGGCAACGCTAGGAGATATAGCGGTTTCGGGGGCT
TTAAATCTACTGGGTGCTTTCATTTTCTTATTGGCATTTGCAATCTTGAGGATACAACCTTTCAAT
GATAGGGTTTACTTTCCAAAATGGTATCTCAAGGGCTTAAGAAGCAGTGCCTCGCACTCGGGGGCT
TTTGCTCGCAGGATTGTGAATTTAGACTTTAGATCGTATACCCGGTTTTTAAATTGGATGCCTGAA
GCGCTTAAAATGCCTGAGCCTGAGCTTATTGATCATGCAGGATTGGATTCAGCGGTTTACTTGCGA
ATTTACTTGATGGGACTTAAAATTTTTGTGCCTATAGCGTTCCTTGCTTGGGCTATCCTGGTGCCA
GTTAATTACACCAATGATACTCTAGAGAAAGCCCAGCTGGTGTCCAATGTAACTGCTAGTGACATT
GACAAGCTTTCAATTTCCAATGTTCCACTTAAATCACAAAGATTTTGGGCTCATATAGTGATGGCC
TATGCCTTTACTTTCTGGACATGCTACGTGTTGCTGAAGGAGTATGAGAAAATTGCTTCAATGAGG
TTGCAATTTCTTTCCTCAGAAGGACGCCGTCCAGATCAATTCACTGTCCTTGTTAGGAATGTACCT
CCGGATCCAGATGAATCTGTCAGTGAGCTTGTGGAGCACTTTTTCCTAGTGAATCATCCACATCAT
TATCTCATTCATCAGGTGGTGTGCAACGCAAACAAACTAGCCAGTTTGGTCAAGAAGAAGAAAAGT
AAGCAGAACTGGCTTGACTACTACCAACTCAAGTATGACAGGAATCAATCACAGCGGCCTCTTAAG
AAAACTGGTTTCCTTGGGCTTTGGGGTGAAAAAGTGGATGCAATTGATCATCACATATCAGAGATT
AAGAAACTGTCAGAAGAAATAGAAGAGGAGAGGGAAAAGGTTTTAAAGGATCCAAAGTCTATAATG
CCGGCAGCATTTGTTTCATTTAAGACTCGATGGGGTGCAGCTGTTTGTGCACAAACTCAACAATCA
AGAAATCCGACTTTGTGGTTAACGGAGTGGGCTCCTGAGCCGCGTGATGTATATTGGGAAAACTTG
GCCATTCCATACATGTCACTCTCTGTTAGGAGGCTGATAATTGGAGTTGCATTCTTTTTCCTTACT
TTCTTTTTCATGATACCTATTGCATCTGTGCAAGCTCTAGCAAGCATTGAGGGAATCGAGAAAAAA
GCCCCTTTTCTGAAGCCCATTATTGAAATAAAATTTATCAAATCCGTTATCCAAGGTTTTCTACCT
GGCATTGCATTGAAGCTCTTCCTAATCTTCCTGCCAACAATTTTAATGATCATGTCTAAATTTGAA
GGCTTCCTATCTATATCATCTTTGGAAAGGAGATCAGCTACAAGATATTATATTTTCCTCATTATC
AATGTATTCCTTGGGAGCATACTCGCTGGGGCCGCATTTGAACAGCTAAATTCTTTTATCAATCAG
TCTGCTAATGAAATTCCTAAAACAATAGGTGTAGCTGTTCCATTGAAAGCAACTTTCTTCATAACC
TATATAATGGTTGATGGTTGGGCTGGAATAGCTGGAGAAGTTCTAATGCTGAAACCACTGATACTC
TACCACTTGAAAAATTTCTTTCTGGTGAAGACAGAAAAAGACAGGGAAGAGGCAATGGATCCTGGC
AGTCTTGGTTTTAACACCGGCGAACCCCGCATTCAATTATATTTTCTGCTAGGTCTTGTATATGCA
ACAGTGACACCTGTTCTCCTTCCATTCATAATTATTTCTTTGCCTTCGCCTATGTAGTGTTCCGT
CATCAGATCATAAATGTTTACAACCAAGAGTATGAAAGTGGTGCGGCATTCTGGCCTGATGTCCAT
GGGCGTGTTATTACTGCATTAGTAATCTCACAGCTGGCTCTGCTGGGACTGATGAGTACAAAAGAA
GCTGCGCAGTCAGCACCATTTCTCATTGCTCTTCCTGTACTCACTATATGGTTCCATGGGTTCTGC
AACGGACGCCACAAATCTGCTTTTGTCAAATATCCATTACAGCTTGATCTTTTTGTCATGAAGCAT
GAAATGCCTAGCTGTGTTGATGACATTGTTTGTTTACTGTTGTGAAAAGCTTGATTTGATGATAAT
GGAGGAAGAGAAAGAGGAAAAATTCAACCACTTTCTTTTCAAATGAAAAATTTTTTAGT

SEQ ID NO: 497, proteína - Populus trichocarpa

MATLGDIAVSGALNLLGAFIFLLAFAILRIQPFNDRVYFPKWYLKGLRSSASHSGAFARRIVNLDF
RSYTRFLNWMPEALKMPEPELIDHAGLDSAVYLRIYLMGLKIFVPIAFLAWAILVPVNYTNDTLEK
AQLVSNVTASDIDKLSISNVPLKSQRFWAHIVMAYAFTFWTCYVLLKEYEKIASMRLQFLSSEGRR
PDQFTVLVRNVPPDPDESVSELVEHFFLVNHPHHYLIHQVVCNANKLASLVKKKKSKQNWLDYYQL
KYDRNQSQRFLKKTGFLGLWGEKVDAIDHHISEIKKLSEEIEEERSKVLKDPKSIMPAAFVSFKTR
WGAAVCAQTQQSRNPTLWLTEWAPEPRDVYWENLAIPYMSLSVRRLIIGVAFFFLTFFFMIPIASV
QALASIEGIEKKAPFLKPIIEIKFIKSVIQGFLPGIALKLFLIFLPTILMIMSKFEGFLSISSLER
RSATRYYIFLIINVFLGSILAGAAFEQLNSFINQSANEIPKTIGVAVPLKATFFITYIMVDGWAGI
AGEVLMLKPLILYHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGSLGFNTGEPRIQLYFLLGLVYATVTPVLLPFI
IIFFAFAYVVFRHQIINVYNQEYESGAAFWPDVHGRVITALVISQLALLGLMSTKEAAQSAPFLIA
LPVLTIWFHGFCNGRHKSAFVKYPLQLDLFVMKHEMPSCVDDIVCLLL

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 498, DNA - Populus trichocarpa

ATTGTTTCTTTCAAGTGAAGTGAACAGGATATGGCGACAATAAGTGATATAGGAGTAGCAGCAGCT
ATTAATATACTCACTGCATTTGCTTTCTTTATTGTGTTTGCGATTCTTCGGATTCAGCCGGTAAAT
GATAGGGTTTACTTCCCCAAATGGTATATCAAGGGTTTAAGGAGCAGTCCATTGGGCACTGGTGCG
TTTGTAGGCAAGTTTGTCAATTTGGACTTCAGGTCATATGTGAGGTTTCTCAACTGGATGCCCGCA
GCATTGCAAATGCCGGAGCCTGAGCTAATTGACCATGCTGGATTGGACTCTGCTGTGTACTTGAGG
ATTTACTTGACAGGGCTTAAAATTTTGTTCCTATTGCATTCCTGGCCTTCACTATCTCAGTGCCA
GTTAATTGGACAAATAACACTCTGGAGCATTCTACTTTAACTTACAGTGATTTGGATAAGCTCTCT
ATATCAAATATACCCACAGGATCATGCAGACTGAATTTGTTATCTTATGTTTGCTTTTTTATGAAA
AAAATACCAATTAAAGTGGAGGGTTTCTTCAAACAACAAGGGGTTGGGTCAACTATTCAATCAAAT
GATATTGAGTATGTTTCCATCTCTTCTCAAGAAAGAAGTGGGCTATTTCTTTGTAAAATTGTGCTC
AATTTCATATGTGGCAATTCCGGCAAGAACTCTTCGTTAGTTGGGGAAATAATCCGCAGCCTTTGA
TTCTGGACCCATATGGTGATGGCTTATGCTTTTACCTTCTGGACATGCTATGTGCTAAAAACAGAG
TATGAGACAGTGGCTAAAATGAGGTTGCATTTTCTTGCATCAGAGAAACGACGTCCTGATCAATTT
ACAGTACTGGTTAGAAATGTGCCACCAGATCCTGATGAATCAGTTAGTGAACTTGTGGAACATTTT
TTCCTGGTTAACCATCCTAGCGATTATCTCACTCATCAGGTTGTCTACAATGCTAATGAACTTTCT
AACTTAGTCAACAAGAAGAAAAAGATGAAGAACTGGCTTGACTACTATCAAATCAAATATTCAAGA
AATCAATCCAGAAAGCCTTCTCTCAAGACTGGTTTCCTTGGCCTTTGGGGGAATAGGGTGGATGCA
ATTGATCACTACACATCTGAGATTGAGAGACTATCAAGAGAAATCTCCTTGGAGAGAGACAAGATT
GTGAACAATCCCAAGTCAATCATGCCAGCAGCATTTGTTTCCTTCAAAACTCGATGGGGAGCCGCT
GTTTGTGCACAAACACAACAATCCAGAAATCCAACTATATGGTTGACTGGGTGGGCTCCAGAACCC
CGTGATGTATATTGGGATAACCTCGCAATTCCATTTGTTTCGCTCACACTAAGAAGGCTTGTTATT
GCTGTTGCGTTTTTCTTCCTCACCTTCTTTTTCATGATTCCCATTGCATTTGTACAGTCCCTTGCG
AACATTGAAGGAATTGAGAAAGCACTCCCATTCCTGAAACCTATAATTGAAATGAAAGTGATTAAG
TCATTCATTCAAGGTTTCCTTCCTGGAATAGCTTTGAAGATATTTCTTATTTTTCTACCCTCAATA
TTGATGCTAATGTCTAAATTCGAGGGATTCATTAGTCTATCAGGCTTAGAGAGGAGATCTGCAGCT
AGATATTATATCTTCCAATTCGTTAATGTGTTTCTTGGAAGCATAATCACCGGAACTGCATTTCAA
CAACTGGATAATTTTATCCACCAGTCTGCAACTCAAATACCAAAGACAGTTGGAGTTTCGATTCCT
ATGAAGGCAACTTTCTTCATAACTTACATAATGGTTGATGGGTGGGCTGGAGTCGCTGGGGAGATT
TTAAGATTGAAACCCTTGATAATCTATCACCTGAAAAACTTTTTCTTGGTGAAGACTGAAAAGGAT
AAGAAAGAGGCGATGGATCCAGGAACTCTTGGTTTCAACACAGGGGAACCACAAATACAACTTTAT
TTCCTACTTGGCCTCGTCTATGCAGTGGTGTCGCCTATCTTACTTCCTTTCATAATTGTATTCTTT
GCCCTCGCATTTGTTGTATATCGTCATCAGATTATAAATGTTTACAATCAGGAGTATGAGAGTGCT
GCAGCATTCTGGCCTGATGTTCATGGACGCATCATAGTTGCAGTAATTGTCTCACAACTGCTGCTA
ATGGGATTGTTAAGCACAAAAGAAGCTGCTCAGTCCACACCGTTGCTCATTACACTCCCAATATTG
ACAATATGGTTCCATTTGTTCTGCAAAGGCCGATATGAACCTGCTTTTGTTAGATATCCATTGCAG
GAAGCAATGATGAAAGATACATTGGAACGTGCCAGAGAGCCAAACCTGAACCTGAAAAGCTTCCTT
CAAAATGCTTATAGCCACCCAGTTTTTAAAGGCGAAGATGATAGCGACAGTGATGAAGCACCCGAA
GAGTTTGAGAAAGAACCTGATCTGGTCCCAACAAAGCGCCAGTCTCGAAGGAATACGCCATTGCCA
AGTAAACATAGTGGTTCAGTTCCATCCTCCCAGCGTGAAGCTCAGGATTATCCTCTACTCTGAAAC
TGTTTCTGCGACATCAACTTGTGTGTAAATGCGAGTCCTTGGGAGATTAAACTGGTTGATATTTCT
TCAGCACAGAG

SEQ ID NO: 499, proteína - Populus trichocarpa

MATISDIGVAAAINILTAFAFFIVFAILRIQPVNDRVYFPKWYIKGLRSSPLGTGAFVGKFVNLDF
RSYVRFLNWMFAALQMFEPELIDHAGLDSAVYLRIYLTGLKIFVPIAFLAFTISVPVNWTNNTLEH
STLTYSDLDKLSISNIPTGSCRLNLLSYVCFFMKKIPIKVEGFFKQQGVGSTIQSNDIEYVSISSQ
ERSGLFLCKIVLNFICGNSGKNSSLVGEIIRSLXFWTHMVMAYAFTFWTCYVLKTEYETVAKMRLH

FIGURA 24 cont.

FLASEKRRPDQFTVLVRNVPPDPDESVSELVEHFFLVNHPSDYLTHQVVYNANELSNLVNKKKKMK
NWLDYYQIKYSRNQSRKPSLKTGFLGLWGNRVDAIDHYTSEIERLSREISLERDKIVNNPKSIMPA
AFVSFKTRWGAAVCAQTQQSRNPTIWLTGWAPEFRDVYWDNLAIPFVSLTLRRLVIAVAFFFLTFF
FMIPIAFVQSLANIEGIEKALPFLKPIIEMKVIKSFIQGFLPGIALKIFLIFLPSILMLMSKPEGF
ISLSGLERRSAARYYIFQFVNVFLGSIITGTAPQQLDNFIHQSATQIFKTVGVSIPMKATFFFTYI
MVDGWAGVAGEILRLKPLIIYHLKNFFLVKTEKDKKEAMDPGTLGFNTGEPQIQLYFLLGLVYAVV
SPILLPFIIVFFALAFVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHGRIIVAVIVSQLLLMGLLSTKEAA
QSTPLLITLPILTIWFHLFCKGRYEPAFVRYFLQEAMMKDTLERAREPNLNLKSFLQNAYSHPVFK
GEDDSDSDEAPEEFEKEPDLVPTKRQSRRNTPLPSKHSGSVPSSQREAQDYPLL

SEQ ID NO: 500, DNA - Triticum aestivum

GCACGAGGCTGAGAGCAGCGGCAAGATCAACATCAGACGTTAAACCAGAGGAGTTTGCAATGTTGG
TGAGAGATGTTCCTGTTCCACCTCCTAATCAAACTATAAAGGACTCGGTGGACTCGTATTTCCGAG
CACTTCATCCTGACACATTCTACAAAGCAATGGTTGTGACAGACATCACGAAGGCTGATAAAATTT
TCCAAGAGATTGAAGGTCACAAACACAAAATTGCTCATGCTGAAGCTGTCTATGCAGAATCAAAAA
CAGCAAACAGACCTGAGGGCACGAGGCCTACTCATAGGACAGGATTCCTTGGCCTTATCGGTAAAA
AGGTCGACACGCTTGAGTACTGTAATGAGAAGATTAAGGAATTGCTGCCCAAACTGGAGGATGAAC
AGAAGAGCACCCTTAGTGAGAAACAGCAAAGGGCGGCCTTTGTCTTCTTCAACAGCAGAGCTGCCG
CTGCCTCTGCATCTCAGACTCTCCATGCTCAGATGTTTGATGAATGGACAGTTACAGAAGCTCCTG
AACCACGTGCTGTAATATGGACCAATCTTCCAAGGAAAATATATGATAGGCAAACCAGACAGACTG
TGGTCTACCTCATTGTCTTCGTCACCGTGGTTTTTTATATGATTCCCATTACTGCTATCTCTGCTG
TTACAACGCTGGAACAACTGAGGAAGAAGCTGCCCTTTCTGAAGGTGGTTGTGGACCAACCTTTAC
TTAAGACAGTCTTACAAGCTTACCTGCCACAGATCGCCCTCATTGTTTTCCTTGCTTTGCTGCCAA
CACTTCTTGTGTTCCTGTCAAAGTCAGAAGGAATTCCTTCACAGAGCCATGTAGTAAGGGCATCAT
CAGGAAAATATTTCTACTTTATTGTCTTCAATGTATTCATTGGCTATGCAATTGGTTCCTCATTGT
TCAGCGCTTTGCAAAAAGTCATCGAGAACCCTACTGGGATTGTTACGACGCTTGGCTCCAGGCTTC
CTGGAAATGCAACTTTCTTCCTCACATTTGTTGCACTGAAATTCTTTGTTGGATATGGGCTTGAGC
TCTCTCGTTTGGTCCCCCTCATCATTTTCCACCTGAAAAGAAAGTACCTATGCAAGACAGAGGATG
AGGTGAGAGCGGGCATGGGCTCCAGGAGACCTGGGGTATAACACGCGGGTTCCGAATGACTTGCTTA
TCGTGACACTTGTGATGTGCTACTCCGTCATCGCGCCTTTGATTTTGCCATTTGGCGTTGCTTACT
TTGCTCTGGGTTGGCTTATAGCAAAAAACCAGGTTCTGAGAGTTTATGTTCCTATTTATGAGAGCA
ACGGACGAATGTGGCCACACATGCACACAAGGATCATTGCAGCTCTCATGATTTACCAGGCAACCA
TGCTTGGTATCATCGGCCTGAAGAGGTTCTACTATTCTACTATCCTTGCCCCACTCCTCGCAATAA
GCTTAATCTTTGCCTACACTTGCCATACACGCTTTTATCCTGCATTCGCCAAAACCCCTCTTGAGG
TGGCAAGTCAGCAGCTGAAAGAGACGCCGAACATGAGCACCATTTACACCGCTTACATCCCTGCTT
GCCTCAAGCCCGAGAAGCTCGAAGATGTGGAAGTCTTTGAAGACGCGCAGTCACGCACCACCTCCA
GAGCTCCCTCTTTTTAATGATTTGTGATGAATGTCCACGTGCTCTGGACGGCCTTTCCACGTCGAC
CACGCTGTGAAGCTATTGTTTCCAGGATAGGAAACTGATGTCATGTCCCGTGTACATACATGCGCT
GTTGCATGATGAACACTTGTTGAAAAACGTAGTCTTATATGTTAGGTTGTTGCTGTGGATATTGTT
GGGTGTTTACGTTTTTCTTTTTGCTATTATCGTGTGTAGACAATCTGCTGCCCTGGTGTGTAAAAA
TCTCAGAAGTCTGACTGCTTGATGCCTTTTAACCCTGTTAGCAAATTATCCCGGTACTGTTACTAT
TTGTTACTGAGATGTCCATGCTG

SEQ ID NO: 501, proteína - Triticum aestivum

MLVRDVPVPPPNQTIKDSVDSYFRALHPDTFYKAMVVTDITKADKIFQEIEGHKHKIAHAEAVYAE
SKTANRFEGTRPTHRTGFLGLIGKKVDTLEYCNEKIKELLPKLEDEQKSTLSEKQQRAAFVFFNSR
AAAASASQTLHAQMFDEWTVTEAPEPRAVIWTNLPRKIYDRQTRQTVVYLIVFVTVVFYMIPITAI
SAVTTLEQLRKKLPFLKVVVDQPLLKTVLQAYLPQIALIVFLALLPTLLVFLSKSEGIPSQSHVVR

FIGURA 24 cont.

ASSGKYFYFIVFNVFIGYAIGSSLFSALQKVIENFTGIVTTLGSRLPGNATFFLTFVALKFFVGYG
LELSRLVPLIIFHLKRKYLCKTEDEVRAAWAPGDLGYNTRVPNDLLIVTLVMCYSVIAPLILFFGV
AYFALGWLIAKNQVLKVYVPIYESNGRMWPHMHTRIIAALMIYQATMLGIIGLKRFYYSTILAPLL
AISLIFAYTCHTRFYPAFAKTFLEVASQQLKETPNMSTIYTAYIPACLKPEKLEDVEVFEDAQSRT
TSRAPSF

SEQ ID NO: 502, DNA - Volvox carteri

GTCCCCCTCAACAGTTACAATTTAAAATGTTGTTTACTTTTCTGAATCTCAAAATGCATAGGTGTA
GCACACATGCTGGTGGCTAATGCAAGCCAGTGTTTGAATATCCTCTTGGTCGCAATAGCGAAGATT
AAGGACATGTCAGACAAGAGCGTTGTGAACACTGCGTTGGGCAGGATTATCGGGGTGAAGAACCAG
GTGTCGGATACGACCATTATAACCGGTTTATGGATCTCAGGCGTAGTCGGCACTGCAGTCATCATA
CTCTTTTGCGTGCTTCAACGCGTGAGCCTGCTGTACAAGTACCGGTTGGTTGCCAACCATGTACGG
GTCAAGCCCCCAAAGCTGCGGGAGCGCGGTCTCATCTCCTTCATTGATTGGGCCATCAAGTCGATA
TCGGTGTCGGATGTGGACTTCATTCTCTCGGCCGGACTAGATGCGCTGATCATGGTGAAGATCTGT
GCGCTAGGTGTGCAGCTGTTTCTACCCCTATGCATTCTGGGAACCGCAGTCCTCATCCCGTTGCAC
TGGACTGGGGGCGCCTCCAAACAGCTGGACGCTTACCAGAGCGGATTCATGCGCCTCACAATGTCC
AATATCCCGCATGGCTCCAAGGTCTTTTGGGTGCATCTGGGTTTTGTCTACATCTACCTGGGATGG
GCTATGGTGCTGCTACACTGGCATTACCACCAGTACCTCACCATTCGCCAGCACTACCTGCGGAAA
GGTGATGACGTAAATCTGTGGCGGGCTCTGTACGAAGAGCAAGGACGGCCGGATCCGCCACAGGGC
AAGGAACCTAGGGGCTCGGAATTCATCAACGGCCTCTTGCGCAGCGTGCAGCTGATCAAGGCACTC
ATGCCGTCGGGCGTGCCTGTCAGCGGGCCCACGTCCCTGCCTGCAGACGGCCGGGACGAGGAGGAT
GAAGATGAGGAAGAGGACGAGGGCTTTGCGATGGGTGGCATGCCATTGCCGTTGGAGTTGAGGAGG
ACGACCCTGGGAGGCCTGGACCCAGTTGGGGCCCGGTCGCCGAGGGGCTCTGTGGACGGGTGCGGA
CGCGTGGTACACGTGCGAGGACATGGGGATCTTTGGGCGGGGGAGTGGAGCCAAAGCCGCGTACTG
CAGCTCTCGGGGGCGCATGACGCACCGACGGCCGGGTCGGGGACCTCATCAAGGCTGTCCCGCCGG
ACTCTGGCCCAAGCAATCCGCAACCGCGTTACCGGCTCTGGAAGCACCGTGTTGCGGGCCTCGGGG
GCACAAGACCATGGCAGCAGACTCATCCACCGGGCCGCCTACAGCATCGGACCCCGCGCGGTGGCG
GCCCCTAGCGACCAGGCGCTGCAGCACATGCGACCACAGCTCAGCCTTGACCGCGGAGGCAGGCGG
GGCATGTCGCCGGCCCGAGGGCAGTCCTACTTGAAGTCAAGCGAGCCGGTCAGCCTTCAGCTGAAG
GAAAGCAGTGACGCCGCTGCCGGCTGCGGCCTCGGTCAGGAGGGGGCTACTGATCTGGAGGCGGGG
CTGGGCCGCAGCGTTCTGGGTGCGGACTCGCGCTCTTTGGCCCCAAGCCCTTGCTCCATAGATCGC
AAAGGGTCGGGTCTAGACTCTGATGCGCACCTGCTTGAGTGGTGGCTGGAGCGTCCGGAAGCGACC
GTCCAGTCGCGCTCACGTGCGCTGCGGGCGCAGCTGGAGAAGGCGCTGAACGGGCGCGACATGGAC
TTGAAACGGCCCAGCGTGGGCCACCGCAAGACGGTGAATGCGGAGTTCTCGGACGGCACGCGCGTG
GCGGTGCTGGCGCAGCACTACGCGGTGCTGGTGACGGACGTTACATCGCGCAGACCGCGACTGAGC
AGGCGGAACAGCAGGGGCCCCGCTCAGCCTACGTTGGTAACGCTGCCTGGCAGCGAGGCCGCTGAC
GCCGTCACTGAAGTGCAGGTTACCGGTCGTCGTCCAGCTGGATGCTGCCTACCTCCATGGCTTTGG
AGCTGGTGTGACCTACAGTACGGTCACCAAGCCGCCCGCAAGCTCAACCCCAAGCTTCCGGCTACT
CTGTCTGAGGAGCTCCTCGCGCCGGTCCCCAGCGGTGCCAACCGCACCATTGCGAGCATGACGGCG
CTCGCCCGTGGGTCCACTCCATACCACTGCTCCCCCCGGGGCTCGGGGGATGGCCGTGTCGTGCCA
GCTCTGCTGAGTGGTAACCGCACATGCAGCGTCAATACGCCCTCGCATGCGCAGCCTCTCTCTGCG
CTACAGACCACCTCAACCGCGGGTCGTATCGACCTGAATCCCGACTCATCACCGAAGATGGCCGGT
CGGTGGCACCAGGCAGTGCGCGGTGCAGCGTTGCTGGGCCGGGCCCCGCAGGGGGGCACTTGGAGC
GGCAGTGGCAGTGGCAGCGGCAGCGAGAGACTGATTCGGCTGCTGGAGATGATGGCCCGGGAGGCG
CAGGGAAAGCTCGCGGCAATGAGCACAGGGATCGTATCGGCCAACCCGTCATTGAGTCGCGGCAGT
CCCAGCAGTCATCACACCGGCACCGGCTCTGGCACTGGTACGAGCCACCCGGTGCCGACGTCGTCT
GTCAGGGCTGTGGCTCTGCCCAGGTCCTTTGGTACTGGCCCCTCATCATCACACCAGCAGCTACAG
CACCAGGGGGTGCCGCATCGGTTCACGGAGCCAGGTCCCGCAGCAGCAGCTGCTAGTGGCGGACAG

FIGURA 24 cont.

GCCGCGGCGCGCAGAGGACAGGCAGCAAGCCCGAGGGCAGGTAGCGGCCCCATCATCATCTCTCCA
AGGGTACCGGTAGGCGCATCGCTTCGCGGGGTGGCGGCACTGGGACAGCGGGAGGGCCCAAGCACC
AGCGGCACAGGCGCCGGTCCGGTGGCAGAGGCGTCGTTGGAGATTCGTGAAGAGGGCCAAGCCGGG
GACGCTGCCGGGAGTGAGGGCGTCATCCAGGAGGGTAACCACGTCGCCGGCAGCGCAGGTGCCTCG
GCGGCCGCTGGCGTGGGTGCCGGTGCGGGGCAGGATGGCGGGCGAACGGTAGTAGATGCAGCGACG
TCGCAGCGTCAGGAAGGCTCACCACCAGGGGACGAGGTGGAAGCCAATCCGGTATCCCAGCAGCCA
ACCGAACGCGAACGCCTGCGCGCCGCTGCGCTTGCCGGATGGGAGGTTGTACGGCAGGCGGTGTGG
GACGGCCGCGTGGCGGAGCTGCCGTGGCGGTACCGTTACTCGGTGGTTTCCGCCACCTTCCTGCGG
CTGTTCCCCGAGGAGTTTGACCGCGCCATCCAGGTCGTCAATTTCAAGGAGGTGGACCTGCTGCTG
ATGGAAGTGGACAAGCACATGGCGCAATACGAGTATGCCATCAAGTACGAGGAAAAGACCGGGAAG
CCGCTGTACGGGTGTCTTGGGTTTTGCGGGCTGGTGGGGGAGCGGTGCAGGGTGCGCGACCACCAC
CGCGACAAGATCAACGACCTCCTGGTGCAGGTTCGGAAGGCGCGAGTGGCGGCTGCCAACAAGGCG
CACACGCCGTCCTGGTTTGTGTTTTCCGCACCCAGCGCGCCGCCGCCATGGCGTCTCAGTGCATC
ATCCACGCGGAGGACAACCGGCAGTTCCGGGTGCACCCCGCTCCCGGCCCTGACGAGGTCAACTGG
TCGGCCCTCTGGTCCAACTTCCGCGACCGCGACCTGCGGCGCAACCTGATGCGCCCGCTGGTGGTG
CTCATGGTCGCCTTCCCCATCGGCATATTCACCGGGGGTGTTACTCAGCTGGACTACCTGCTGTGT
CCGGCACACCTCTGCGTGGGGTTAGAGAGCGGCTCCGAAGACTGGGTTGCGGCGGGCTGCACGGAC
GACATCAAGGAGCGGGAGAGCGCGGATATCAAGACAAGGTGCACATTGGCTGGGAAAACGCTGTTT
GGTGTGGCGCATGCGCCGAGCCAGCAGCTGTCCTGGGAGTGGTACTGCGGACAGAAGAACCCAATT
GCGAGGCTGCTCAAGCGGCTGGTGGTGGCCTGGCTGCCCTCCCTGCTGCTCATCCTGTGGCAGGGC
ATGGTGCTGCCGCTGTTCTTCACATTCGTGGTGCAGATCAGTCGCCAGGCCCGGTCTCTATCGGAG
GCCGACCGCTACATCGCCAAGAACATGTTTTATTTCGGTGTCTTCAACGTTTTCCTGGGCGGGGTG
GCGGGCAGCACCATCATTCAGGGTATCAACTCGGCCATTGAGAAGGGCCCAAGTGAAATCTTCAAT
TTGGTCGGCACATACGTGCCCACCTCGTCCAACTTCTTCATCAACTACACCATGTTTAGGGTTTTT
GTGTCCGTCCCGGTGCGCATGCTGTGGCCCCACATCGGAATCCGCATGTACCTCATCCGGCGGTAC
CTGCGGCTCTCGTGCATCATCACGCGTCGCGAAAGGGCCTTCCTCATGGCTCCGGTGTCGCCGCGA
TATGGGTTCGAGGTGGGCATGGTGATGATAATCTTCCTGATTGCCTTCGCCTTTAGCGTGGTGTCC
CCGCTTCTGATGCCCATGGCGATGCTCTTCTTCGCCATCTCCTGGCTCTTCTGGCGCTGGGCGCTG
CTCTACGTCTACGTACGCAAGTACGAGGGTGGCGGCACCATGTGGCCTTTCGTCTTCAACCGGGTG
CTGGTCTGCCTGGCCATCTTCCCCGCCTTCACGGCATGCGTCTTCGTCACGAAGCACGCGTATGCA
CAGGCTATTGTGCTGCTGGTTACCGTCCCTGTCATCCTGGTCCGCTTTCACAAGTACTGCTACTAC
AGGTTCGAGACGGGTCTCCAGGCAATGCCGCTGGAGGCCACGGTGGCGGCCCCACCCGCTCGCGTG
GAGCCCTGGGTGTACACGCCGCCGCCGTTGCTCAGCAACCTGGCCGGGTGGCACCCCGACTGGTCC
AAGTGCTGGATGGGCTGGAACATGCCCGTCATGTACGGGTAA

SEQ ID NO: 503, proteina - Volvox carteri

MLVANASQCLNILLVAIAKIKDMSDKSVVNTALGRIIGVKNQVSDTTIITGLWISGVVGTAVIILF
CVLQRVSLLYKYRLVANHVRVKPPKLRERGLISFIDWAIKSISVSDVDFILSAGLDALIMVKICAL
GVQLFLPLCILGTAVLIPLHWTGGASKQLDAYQSGFMRLTMSNIPHGSKVFWVHLGFVYIYLGWAM
VLLHWHYHQYLTIRQHYLRKGDDVNLWRALYEEQGRPDPPQGKEPRGSEFINGLLRSVQLIKALMP
SGVPVSGPTSLPADGRDEEDEDEEEDEGFAMGGMPLPLELRRTTLGGLDPVGARSPRGSVDGCGRV
VHVRGHGDLWAGEWSQSRVLQLSGAHDAPTAGSGTSSRLSRRTLAQAIRNRVTGSGSTVLRASGAQ
DHGSRLIHRAAYSIGPRAVAAPSDQALQHMRPQLSLDRGGRRGMSPARGQSYLKSSEPVSLQLKES
SDAAAGCGLGQEGATDLEAGLGRSVLGADSRSLAPSPCSIDRKGSGLDSDAHLLEWWLERPEATVQ
SRSRALRAQLEKALNGRDMDLKRPSVGHRKTVNAEFSDGTRVAVLAQHYAVLVTDVTSRRPRLSRR
NSRGPAQPTLVTLPGSEAADAVTEVQVTGRRPAGCCLPPWLWSWCDLQYGHQAARKLNPKLPATLS
EELLAPVPSGANRTIASMTALARGSTPYHCSPRGSGDGRVVPALLSGNRTCSVNTPSHAQPLSALQ
TTSTAGRIDLNPDSSPKMAGRWHQAVRGAALLGRAPQGGTWSGSGSGSGSERLIRLLEMMAREAQG

FIGURA 24 cont.

KLAAMSTGIVSANPSLSRGSPSSHHTGTGSGTGTSHPVPTSSVRAVALPRSFGTGPSSSHQQLQHQ
GVPHRFTEPGPAAAAASGGQAAARRGQAASPRAGSGPIIISPRVPVGASLRGVAALGQREGPSTSG
TGAGPVAEASLEIREEGQAGDAAGSEGVIQEGNHVAGSAGASAAAGVGAGAGQDGGRTVVDAATSQ
RQEGSPPGDEVEANPVSQQPTERERLRAAALAGWEVVRQAVWDGRVAELPWRYRYSVVSATFLRLF
PEEFDRAIQVVNFKEVDLLLMEVDKHMAQYEYAIKYEEKTGKPLYGCLGFCGLVGERCRVRDHNRD
KINDLLVQVRKARVAAANKAHTPSWFVFFRTQRAAAMASQCIIHAEDNRQFRVHPAPGPDEVNWSA
LWSNFRDRDLRRNLMRPLVVLMVAFPIGIFTGGVTQLDYLLCPAHLCVGLESGSEDWVAAGCTDDI
KERESADIKTRCTLAGKTLFGVAHAPSQQLSWEWYCGQKNPIARLLKRLVVAWLFSLLLILWQGMV
LPLFFTFVVQISRQARSLSEADRYIAKNMFYFGVFNVFLGGVAGSTIIQGINSAIEKGPSEIFNLV
GTYVPTSSNFFINYTMFRVFVSVPVRMLWPHIGIRMYLIRRYLRLSCIITRRERAFLMAPVSPRYG
FEVGMVMIIFLIAFAFSVVSPLLMPMAMLFFAISWLFWRWALLYVYVRKYEGGGTMWFFVFNRVLV
CLAIFPAFTACVFVTKHAYAQAIVLLVTVPVILVRFHKYCYYRFETGLQAMPLEATVAAPPARVEP
WVYTPPPLLSNLAGWHPDWSKCWMGWNMPVMYG

SEQ ID NO: 504, DNA - Volvox carteri

ATGTGCAGATATGCTAAGGACATCGACCTTAAGCCCAAGCGGCTACCAAATGGGCTGCTTAGCTGG
ATCTACCCCGTCATTACATATCCTGAGGGGGATATTATCGACGAGGCTGGGCTGGACTGTGCGATG
TATCTGCGCATTCTCCGTTTCGGGGTGTACCTATTCTTCCCCCTCACGATCTTTTGCATCATCGTG
GTGCTCCCGCCCAACATGAAGAGTAACGGAATTGAGGCAATCCTCGCGGAGCAGGCTTTGCGAAAT
GCCGGCAAGAACCAGACCTCGGGCAAAGGCGACTTGGAGTTCTCCGATTTCGACCATTACTCGCTG
TCCAACGTCGAGGCCGCCAGTCCCAAGATGTGGGCACACCTGTTCGCTGTGTACTGTGTGGTGCTG
TACACCCTCTGGCTGCTGTGGCGGTTCAACCGCGAGTCCGTGTTGCTGCGGCTACTCTTCCTGGGT
AATGCGAAACGCGGAGGGCCCTCTCACACCGTGTTGGTGACGGATATTCCGGGTATTAGTGAGGCT
GTTTCCAAGGCCCTACGGGACGAGCGGGCGAAGAAGCAGGAGATGAAGAAGATGGAACGAGATAAA
TCTATTATCTCGCAGAAGAGTGTGGACGTGCAGCTGGACGACGACAGCTACGCAGAGCTCCCCGAC
CAGCCGCGGACCGCCACCACCAGCGTCGCCAGCACCACGCTGAAGCCCCAGACCTCACTGCGCAAG
GGCCGGGTGGTCTCCATCAGCGAACCCCCGGTGCTTGTAGTCCAACAACAACAGCTGCAACAACAG
CAGCAGCAGTTCACGCCGCGTGCCGTGCCGTCGGTGGAGAAGGGCGGCCGGTCGAACGTATCAGCA
TCGCCCTTCTCCGACGCCAGCGCCAAGAGCTTTGAGAGTACTGCAGACGCCGAGCTGCCAGGATCC
TCCACGAAACCCGAGGTTGTCGAATTAAAGAGCGCCGCCTCGGCCTCTGGCGGCGCCGCTGCTGGC
GGCGGCCCCGCCGGTCCCGCCGGGGGAGCTTCCTTTGTTGTTAAGGCCGGCGGGAACAGTCGCTTT
AACTTGCGCAGTATCCTGAGTAGCACCGCTAGCGACGCGCAATACCGGCTGGTGGTGGATGACCTG
GACCCCAAGTACGCGGCCACGGGCGGCAAGTTGGAGTTGGCGCGCGTTGGCAAGACGAACGAGGAG
ATCCTTAAGGAGTTGCAGGTCATGGAGAAGGACGATTTGGTCAAGGGCCTTCCCGAGAAGCTGGGG
GTGGATACGAGGCCGCTGCCTCCCACCCGCCGCAACACCAAGCGTTATGAGTACGACCTGAAAACA
ACGGTGCTGGATCCCGTACATGAGGCCCTGGAGACATTGAGGAAAGGCGTGACTCCACAGCAATTG
GTGGCCCGAGAGTTTGCGTTGGTGTACGGCACGAGCAATGTGGCCGCGGTCAACATGATTCAGGAC
ACGAGCGCGTTGGAGCCTCTGGCTGAGGAATACAACCAGGCGCGTGTGTGTCAGGACCTGGACGAC
TACCTGGAAATGGCCAAACTGCGACTCAAGCTGCGGAAGGCGCTGCCGCAGAAGCAGATCTCCATC
CTATGTGCTCGGTACCAGGACATGGACTATGTGAAGAAGTTTAAGACGAAGTGGTTTGTCAAGGTG
GACGCCGTGGAGTTCTGGTTGGAGCGCATGAAGTACCTCCGGGAGCGTATTAAAATTGAGCAAGCC
AAGTGTGTCCGCAAGATGGCGCCCTCCGCCTTCGTCACCTTCAACACTCGCATGGCTCAGGCTGTC
AGCGCCAACTCGCTACACTCCCACGACGAAAACGCCTGGCGGGTACAGAACGCCCCTGCGCCGTTT
GAGGTGGTGTGGAAGAACCTGTCGCTAACAATGCCCATCAAGAACGGCCGGCTGTACCTCCTGTGG
GCTGCTTTCTGGGGCATGACCATCTTCTTCATGGTGCCTGTGTCCTTCATTCAGGGCATGATTGAG
GTTCCCAAGCTGGCCTCCATTCCCGTGCTGGGCGACATCGTGACCACCCCGCCCATCAAGCAGCTG
CTGCAGGCTGTCATTCCAGGTCTGGTGCTCAAGATCTTCCTGGCGCTTGTACCCACCATCCTGCGC
ATCATGGCGCAGCTGTCCGGCGCCACCTCCGTCAGCGAGATCGACTTTGGAGTCGTGAAGCGCTTC

FIGURA 24 cont.

TTCCTGTTCCAGACGGTGGTGGTATTCTTCGGGAGCATCATTCTCGGCTCCTTTTTCAACCAGCTG
AAGCAGTGGGTGAAGGAACCCAGCAGCGTCATCGCCACACTGGGCAAGTCCATCCCCATGACCTCC
ACGTTCTTCATCACTTATCTTCTCGTGAACGGTCTGGGTGTCAAGTCGTTTGCCTTCATTCGGCTG
CCCAACTTTGTTATATATTGGATCTTGTCCAAGTTCGCGGGTAGCCCCGCGGCCCGGCAGCGCATG
TGGATGTTCCAATGGACCAATAACGGCACCACGGTGGTGGATCACACCATCGCCATGATGCTGGGA
CTGACCTTCTCCTGCATCAACCCCATCGTGTGCCCCGCTGCGCTGGCGTACTTCTTGGTCAATTTC
CTAGGGGAAACGTACAACAACGTGTACGTGTACCGCCGCCAGTACGAGAGTGGCGGCATGCTGTGG
AAGACGGTTTACAACCAGGTGATGGTGGCGCTGTACATCATGCAGATCACCATGCTGGGCCTGCTG
TCCCTCAAGAAGTTCAAATTCAGCCCTTTCATGTTTCCCCTCATCATCTTTTCCATCACCTCGCAC
ATCAGCACACTGCAGCTCTTCAACAGGCCCTGGTCGGTGACGGCGCTCCACGACGCCGCTTACATG
GACATGTTGGAGGCGGACCAGCGGCGGATGACACTGCTGGCAGCTGCACGCGAGGAACGCAAGAAG
AAGCGCGACAAGATTAAGAGGGCGTACGACGATGCCGTACGCCAAGCCGAGAACAACGACGACCCG
CCGCCACCGTACGACACCAGGCTGGACGAGGTTCCGTCGCCCGGCTACCCCGGCGCGGGTAAGGCC
GAACTTCTGCTGCTGGAATCCATCGAGGGAGATGGCTACGCACTTAACTCCCAGGAGAAGCGTGAA
GTGGAGGAGATGTACATGAACCCCGTGTTCAAGGTGAAGCTCGAAGAGGTTGAACGCTTGGAGAAG
CTCGCTGAGGATGTGCAGACTCGCCTGCCGCGTTTGAACGAGTGGGTGGCGGAGTACAAGGTGTAC
CGTCGAGAGGTGAAGAAGCGACACATCAAGGGCGACACTGAGCAGGTGACGCCGCCCAAGATGCCG
GAGGACCTCACCATCTACGACGCAGACCCGAACCTGCAGGACAGTGATGATGAGGAGGATGCGGGG
GGCGCAGCTGGCGGCAACCCTAACAGCACCACCAACAACAACAAGAACGATACCGCCGCCGCCGGC
GGCGGCGGCGGCAGCGGCAGCCTCAGTTTGCGCGGCTTGAAGCAGCGGGAGACCGGGAAGGAGGTT
GATGCTGCTGACCGTGTCTAG

SEQ ID NO: 505, proteína - Volvox carteri

MCRYAKDIDLKPKRLPNGLLSWIYPVITYPEGDIIDEAGLDCAMYLRILRFGVYLFFPLTIFCIIV
VLPPNMKSNGIEAILAEQALRNAGKNQTSGKGDLEFSDFDHYSLSNVEAASPKMWAHLFAVYCVVL
YTLWLLWRFNRESVLLRLLFLGNAKRGGPSHTVLVTDIPGISEAVSKALRDERAKKQEMKKMERDK
SIISQKSVDVQLDDDSYAELPDQPRTATTSVASTTLKPQTSLRKGRVVSISEPPVLVVQQQQLQQQ
QQQFTPRAVPSVEKGGRSNVSASPFSDASAKSFESTADAELPGSSTKPEVVELKSAASASGGAAAG
GGPAGPAGGASFVVKAGGNSRFNLRSILSSTASDAQYRLVVDDLDPKYAATGGKLELARVGKTNEE
ILKELQVMEKDDLVKGLPEKLGVDTRPLPPTRRNTKRYEYDLKTTVLDPVHEALETLRKGVTPQQL
VAREFALVYGTSNVAAVNMIQDTSALEPLAEEYNQARVCQDLDDYLEMAKLRLKLRKALPQKQISI
LCARYQDMDYVKKFKTKWFVKVDAVEFWLERMKYLRERIKIEQAKCVRKMAPSAFVTFNTRMAQAV
SANSLHSHDENAWRVQNAPAFFEVVWKNLSLTMFIKNGRLYLLWAAFWGMTIFFMVPVSFIQGMIE
VFKLASIPVLGDIVTTPPIKQLLQAVIPGLVLKIFLALVFTILRIMAQLSGATSVSEIDFGVVKRF
FLFQTVVVFFGSIILGSFFNQLKQWVKEPSSVIATLGKSIPMTSTFFITYLLVNGLGVKSFAFIRL
PNFVIYWILSKFAGSPAARQRMWMFQWTNNGTTVVDHTIAMMLGLTFSCINPIVCPAALAYFLVNF
LGETYNNVYVYRRQYESGGMLWKTVYNQVMVALYIMQITMLGLLSLKKFKFSPFMFPLIIFSITSH
ISTLQLFNRFWSVTALHDAAYMDMLEADQRRMTLLAAAREEFKKKRDKIKPAYDDAVRQAENNDDF
PPPYDTRLDEVFSPGYFGAGKAELLLLESIEGDGYALNSQEKREVEEMYMNPVFKVKLEEVERLEK
LAEDVQTRLFRLNEWVAEYKVYRREVKKRHIKGDTEQVTPPKMPEDLTIYDADPNLQDSDDEEDAG
GAAGGNPNSTTNNNKNDTAAAGGGGSGSLSLRGLKQRETGKEVDAADRV

SEQ ID NO: 506, DNA - Chlamydomonas reinhardtii

ATGCGCTTGCGTCCGTGGGCCAAGCGCTTCTTTGGCCCCAGAAGATACGCCAAAGATGTGGACATA
AAACCCAAGCGGCTCAGCACAGTCCTGATGGGCTGGATAAAGCCGGTGATGCTGTACAAGGAGGAG
GACATTATTGATGAGGTTGGTCTGGATGCGGCCATGTACCTCCGTGTGGTATGGTTCGGCATGGAG
GTGTTTTTCGTGCTGACGCTGGAGGAAGCATTGAACGGCAACACAACCGTCACCGCCAACACCACC
ATCTTTGCCAGGGACCTAACGGTGTCGTACCCCATCTCGGCCGGATCCAGCACGCTCGAGACCCAC

FIGURA 24 cont.

TCGTACACCAACGCCCGCATCACCTTCAACGGTACCTCAACCGACCTGTTGCTGAACCAGACGTAC
AACTACGTGATCGCCGGTAACGGTACGGCAAACTTCACGGGCACAAATGTCGACACCGGCGTCGTG
ACGTACATGTTCTTGCGCCAGACCGTGCTGAGCGTGAGCTCGCCCTCGCTCCTGGCGACTGGTGCC
CGGACCATACCAAACGGCACGGTTTTCAACCAGACCAACGAGGAGGTCTTGCTGGTGGCGCTCACC
TCGCCCAACTCCGACACGTCCGTGACGGTCAACGGCCAGCAGTTCAAGTTCACCAACTTCGACCGC
TACTCGCTGTCCAACGTGTCACCGGGCGATGAGGTGATGTGGTGCCACATGGTCGCCGTCTACATC
AGCGCCATCTTCGTGCTGTGGTCGGTGTACCTGCGGCTGCTTTTCCTGGGCAACGCCAAACGCGGC
GGCCCCAGTCACACCGTGCTGGTCACCGACGTGCCCTACGTCAACGAGGCCCCCAGCATGAAGCAA
GCCGCCAAGACGGGCGCGGGCTCTGTTGCGGGCGGCGGTGGCGATGGACCGGAGGGCGGCAAGGCC
CCCGGCCCTGGCCCCGAGGGCGCGGGGCTGGCGTTTCGGCTAAAGATGTTAGGCGAGGATTTGGAC
GAGTGCATGAAATACAGATTGGAGGATCCCTCGATCGATCCTGCCTTCGCCAGCACCGGCGGCCAG
CTGGAGGCGCCGCGCACCGGCCGCACCGCCGAGCAGCTGCTGGCAGATCTGGAGCGCGAGGAGCCC
GAGCCCACGTGGCTGCCTCCGGGGTACGGCGTCGACACGCGTGTGCTCAAACCCGACCGCCGCGCG
CTCAAGCGATTCAGGTATGACGTGAAGACGATGAAGGCCCGCAACGAGATCACCGAGACCGGCAAG
AAGGGCCCGGTGGGCGCAGTCACCATGGACCCAATTTACCAGGCCAGGTCGAAGCTGCAGTCGGGC
CTGACGCCGCAGCAGATGGTGGCGCGGGAGTTCGCGCTGGTGTACCAGCCCTACAACATCGCCGCA
GTCAACATGATCCAGGTGATGCAGTCGCTGGAGGACTACCTGGACATGGCCAAGCTGCGACTCAAG
CTGCGCAAGGCACTGCCGGTGGCCGAGGTGCGCATCTGGCCCAAGCTGCAGGGCGAGGGCGTGTGG
CCGCGGGTGCGGCTGGAGATGACCCGCGTGCTGCGGGCGCAGTGGCACGCGCTGGATGAGGACGTG
ACGGCTGAGGAGGACCCGCGGGACAAGGCCCCAACTAACGGTGTGTGTGTATGTGTGTATGGAAAC
ATGCGAGGGGGCGGCGGCGGGAAGAGATCCGGCTGGACCAGCTCGGCAAGGACCGTGGACGCGGTG
ACGTACTGGCTTGCCAAGCTCAAGTACCTGCGGGAGCGCATCCGCACGGAGCAGGCGGTGGCGGGT
CGCAAGCTGGCGCCCAGCGCCTTCGTCACCTTCAACACGCGCATGGCCCAGGGCGTGGCCTCCAAC
TCGCTGCACGCACACGACGAGACCGTGTGGCGTATCAGCGGCGCACCCGCGCCCAACGAGGTGGTG
TGGCGCAACCTGCCCATGACGCACCCCGTGCGCAGCGGCCGCCTCTACATCCTGTGGATCCTGTTT
TGGCTCATGGCGCTGTTCTTCATGATCCCCATCTCCGCCATCCAGGCGCTGATCGAGGTGCCCAAG
CTGGCGTCCGTGCCGGTGCTCGGAGACATTGTCACGATCGACTTTGGCGTCGTCAGCCGGTTCTTC
CTGTTCCAGGTCATTGTGGTGTTCTTCGGATGCATCATCGCCGGCTCCTTCTTCAACCAGCTGAAG
CAGTGGGTAGAGGACCCCGCCTCGGTCATCTCCACTCTGGGCAAATCCATTCCCATGACCGCAACC
TTCTTCATCACCTACCTCTTCATCAACGGCCTGGGCGCCAAATCCATCGCCTTCGTGCGGCTTCCC
GGCTTCATCATTTTCTGGATCCTGTCCAAATTCGCTGGATCTCCTCGCGCCCGCGAGCGCATGTGG
ATGAACCAGAGCGCGCGGTACGGCATCCTGGTGCCGGACCACACCATGGCCATGCTGCTGGGTCTG
GTGTTTTGCTGCATGAACCCGATCGTGTGCCCCGCCGCCCTCGCGTACTTCATTGTGGCGAGTGTG
GGCGAGCGGTACAACTTCATCTACGTGTACCGCCAGGTTTACAACCAGATTATGGTGGGGCTGTAC
ATCATGCTGCTGACCATGTTTGGCCTGCTCGCGATCAAGAAGTTCAAGTGGGTGTTCTTCCTGCTG
CCCATCATCGCCGCCGCCGTCATCAGCCACATGGCTACACTCAGCTTATACAGCCGGCCTTGGTCG
GTGACTGCGCTGCACGACGCGGCTGAGATGGACATGCTGGAGGCGGACCAGCGCCGCGAGCAGCTG
CTGGCGGCGGCCCGAGAGGTGGGCGGGGAGCGCAAGAAGGCCAAGGAGGCGCAGCGGCGGCGCTAC
GAGGAGGCCTGCATCGAGGCGGAGAAGGCCGACGCAGAGGAGCTGCCCAAGCGGGAGGAGTTCTTC
GTGCCGCTCACCCCCGGCCCGGCGGAGCTGCTGCTCAAGGAGTCCCTGCGCGGCGACGGCTTTGCG
CTCAACAGCGCGGAGAAGAAGGAGATCGCCGACATGTACCGCAACCCCGGCTTCACGATGGCACTG
GAGCAGATTGAGGAGGTGGAGAAGCTGGCCCGGGTGGTTCAGCTGCTGCTGCCGCCGCTCAACCAG
TTTGTGAGCGAGTACAAACTCTACAGGCGCGGCGTGAAGGCTTCCAAGCTCAAGGGAAGTACGGAG
GACGGGCCGGAGGCGCCGCACATGCCCGAGGACCTTACGATCTTCGACAACGACCCGCGCCTGGTC
GGGCTGGACCGCGAGCTGGGCGAGGGCGGCGGCGGCGGAGACGAAGACGAAACGTCCAGTCTGGGG
GAGCGCGACAGCGCCGGCGGCCTGCGCGATGGGGAGCTGGCGCCCGTGCCGGTCGCAAGGTCGCAG
TCGCAGGCGGCTCGGCGCAAGTGA

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 507, proteina - Chlamydomonas reinhardtii

MRLRPWAKRFFGPRRYAKDVDIKPKRLSTVLMGWIKPVMLYKEEDIIDEVGLDAAMYLRVVWFGME
VFFVLTLEEALNGNTTVTANTTIFARDLTVSYPISAGSSTLETHSYTNARITFNGTSTDLLLNQTY
NYVIAGNGTANFTGTNVDTGVVTYMFLRQTVLSVSSPSLLATGARTIPNGTVFNQTNEEVLLVALT
SPNSDTSVTVNGQQFKFTNFDRYSLSNVSPGDEVMWCHMVAVYISAIFVLWSVYLRLLFLGNAKRG
GPSHTVLVTDVPYVNEAPSMKQAAKTGAGSVAGGGGDGPEGGKAPGPGPEGAGLAFRLKMLGEDLD
ECMKYRLEDPSIDPAFASTGGQLEAPRTGRTAEQLLADLEREEPEPTWLPPGYGVDTRVLKPDRRA
LKRFRYDVKTMKARNEITETGKKGPVGAVTMDPIYQARSKLQSGLTPQQMVAREFALVYQPYNIAA
VNMIQVMQSLEDYLDMAKLRLKLPKALPVAEVRIWPKLQGEGVWPRVRLEMTRVLRAQWHALDEDV
TAEEDPRDKAPTNGVCVCVYGNMRGGGGGKRSGWTSSARTVDAVTYWLAKLKYLRERIRIEQAVAG
RKLAPSAFVTFNTRMAQGVASNSLHAHDETVWRISGAPAPNEVVWRNLPMTHPVRSGRLYILWILF
WLMALFFMIPISAIQALIEVPKLASVPVLGDIVTIDFGVVSRFFLFQVIVVFFGCIIAGSFFNQLK
QWVEDPASVISTLGKSIPMTATFFITYLFINGLGAKSIAFVRLPGFIIFWILSKFAGSPRARERMW
MNQSARYGILVPDHTMAMLLGLVFCCMNPIVCPAALAYFTVASVGERYNFIYVYRQVYNQIMVGLY
IMLLTMFGLLAIKKFKWVFFLLPIIAAAVISHMATLSLYSRPWSVTALHDAAEMDMLEADQRREQL
LAAAREVGGERKKAKEAQRRRYEEACIEAEKADAEELPKREEFFVPLTPGPAELLLKESLRGDGFA
LNSAEKKEIADMYRNPGFTMALEQIEEVEKLARVVQLLLPPLNQFVSEYKLYRRGVKASKLKGSTE
DGPEAPHMPEDLTIFDNDPRLVGLDRELGEGGGGGDEDETSSLGERDSAGGLRDGELAFVPVARSQ
SQAARRK

SEQ ID NO: 508, DNA - Chlamydomonas reinhardtii

ATGCTGGGGCTGTTCACGCTGTTCACAATCGTTCGTGTGAGGCCATGGGCGAAGCGCTTCTTTGCG
CCAAGAAGATATGCAAGAGATGTAGACTTGAAGCCAAAACGCATGAGCAGCTTCTACCTGGGATGG
GTGAAGCCCATCATGTTGTATAAGGAGGAGGACATCATTGACGAGGTGGGCCTGGACGCGGCCATG
TACCTGCGGGTCCTGTGGTTCGGCATGGAGCTGTTTTTCATGCTGACGCTCATTTGCATCCCGCTC
GTCCTGCCCACCAACATGACCAGCGGGGAGATCGAGCGGCTGCTGGCACAGGCGGAGGAGGCTCAA
TCGCTGGTTTTGAATAATTCGGTGGTTGTGCAGCCGCGCAATACCAGCCTCCTCGGCGATGACAAC
CACAACGACGTCCGCTTCATGTACATGTCCCAGGGCACGGTGGTCGCCAACAACATGGCTCCTTGG
AACACGAGCATCACGTTCAACGCGACGATGGTGGAAAACAACGTCACGTTTGTGCAGGACTTCTTT
TCCAACTACAGCTGCAAGGACACAGCTGAGCCGTACCTATCCTTTGCGGCGTACAACATGACTTAC
GTACGCATCAGCGGCACCAAACGCTACAACAACGACTCGCTAACAGTCCTGCTGAAGGACGCGATC
GTATTTCTGGGCTGGCAAAACATGAGCGTCATTCCCGCCAGCCTGCAGGCCGTGAATAACTCAGGC
TTTGATTACATCATCGTGTGGTCGCTGGAGGGCGAAACGGAGCAGACGCAGCTGACGGTCAACGGC
AAGGAGTTCAAGTTTACAAATTTTGACAAGTACTCGCTGTCAAACATTCCAGCCGGCAGCGCCAAG
ATGTGGGCGCACGTGGTAGCGCTGTGGCTTGTGACGCTGTTCACTATGTGGCGCCTGAGAGAGTAC
AACTTACAGTCGGTGTATCTGCGGCTGCTCTTCTTGGGTAACTCCAAGCGAGGAGGCCCCTCACAC
ACCGTCCTGGTCACCGACGTACCCTTCGTGTCTGACGCGGTTGCGTGCGGCCTGCGCGCAGAGGAG
TACCGTGAGAAGCACGGCCTGCCCGCGAGCGTGACCAGCCTGAAGAAGAGCATGAGCATCAAGAAC
CCCATGTATGAGGGTTACGAGTCGCTGGAGGGCGGCCCCGACGGCAGGACGGCGGTGGGCGTGCCC
GTGTCCACCAGCGCGGGCGAGCCGCGCCTGCCCGGCACCAAGTCCGTCACCATCGTGGAACCCGGC
GGCAAGAACGGCGCCGGCGGCGCGGCACAGCAGCCTGCCAGCTCGCTACGGTCGTCGCAGGCGGCG
TCGCTGAAGCAGTCGCAGGCGGGCGCGCTCAAGGTCCACACCACCAACGGCGGCGGCGCGTACGCG
GCGGAGACGCCGCGCGCCAACGGCGGCGGCTCCACTGCCCAGTCCGGCGACATGCGCGTGTCGGAG
TTCGCCTCCGCCACCTACGAGGCCGAGTCAGCCGCCGGAGGGGACAAGCGCTCCGCCGCCGGCGAC
TCTGGCGTCGGCGGCAAGGAGGGCGGCGCCGTGGTCCAGGCCGTGGGCGTGCCCATCGAGGAGTGC
CTCAAGTACCGGCTGCACGACCCCGAGGTGGAGCCCCGGCACGCCGCCACCGGCGGCAGGCTGCTC
ATGGCGCGCGTGGGCCGAACCACTGAGGAGCTCAGGCGCGACGTGCTGCGCGAGGACCCGGAGCCC
ACCTGGCTGCCTCCCGGCTACGGCGTGGACACGCGCGTGCTCAAGCCCGACCGCCGCTCGCTGAAG

FIGURA 24 cont.

CGCTTCCGCTACGACGTCAAGACGCTGGGCAAGAAGCCCGGAGACATGGTACTGTGGATGCGGGAC
AAGGCCGCGCAGCTGCTGGGCGGCAAGAGCCACGAGGACAAGGAGAAGGAGAAGGCGGAGCTGGAT
GCGGCGCGCATGAAGCGCGAGGCCGAGGACAAGGACCACATCGGCCCCCGCTTCCGCCCGCCCGTC
AACGCCACAGCTATGGACCCGAAGGAGCAGGCCAAGGCCAAGCTGCGGTCGGGCCTGACGCCGCAG
CAGATGGTGGCCCAGGAGTTCGCGCTGGTGTACCAGCCCTACAACATCGCCGCCGTAAACATGATC
CAGGACACCACTGGCCTGGAGCCGCTGGTGGCCGAGTACCTCAAGATTGAGCAATCCCTGGAGGAC
TACCTGGACATGGCCAAGCTGCGCCTCAAGCTGCGCAAGGCGCTGCCCATGAAGATTGTGCGCATC
AGCCCCAAGCTGCAGGGTGACGCCTGGCCGGCCGTGCAGAGCGAAATGATCCGGATCGTGAAGAGC
CAGTACGAGTACATGCGGGAGCAGGCGCACGCGCGCTCCAAGCAGGCACTGGAGCTCCACGACCGT
GAAATCAACCCCAAGGCAAGCAGGAGCTCGCGGCGCGCGGAGAAGGACGTGCTGCAGAAGCGAGCG
GTCGCATTGGGCGCTGAGGAGGCGAACCTGCCGAGGCAGGAGGCGGAGGCGCTGGCGGCAATCCAG
AAGATCATGCCCAAGAGATGGAGCGCCAAGGTGGACGCGGTGACCTACTGGCTGGCCCGGCTCAAG
TACCTGCGGGAGTGCATCAAGATCCAGCAGGCGGTCGCCAGCCGCAAGATCGCGCCCTCCGCCTTC
GTCACCTTCAACACGCGCATGGCCCAGGGCGTGGCCTCCAACTCGCTGCACGCGCACGACGAGACC
AGCTGGCGCATCATGCCGGCGCCCGCGCCCATCGAGGTGGTGTGGGGCAACCTGATGATGACGCAC
CCCGTGCGCACCGGCCGCCTGTGGCTGATCTGGGTGGCGTTCTGGGCCATGACGCTGTTCTTCATG
ATTCCCGTCACGCTCATCCAGGCGCTGATTGAGGTGCCCAAGCTGGCGTCCATCCCGGTGCTCGGT
GACATCGTGACGGCGCCGGTGGTGAAGCAGCTGCTGGAGGCGATCATCCCGGGTACGTGTCGTGTG
GTGGTGGTGTTCTTTGGGTCCATCATCGCCGGCTCTTTCTTCAACCAGATCACGCAGTGGGTCAAG
GACCCTGCCTCCGTCATTTCCGTGCTGGGCAAGTCCATTCCCATGACCGCCACATTCTTCATCACC
TACCTCTTCGTGAACGGCCTGGCGGTGCGCTCCATCCAGTTTGTACGCCTGTCCGACTTCGTGGTC
TTCTGGATCCTGTCCAAGTTCGCGGGCTCGCCGCGCGCCGCGAGCGCATGTGGATGAACCAAGTC
CAGTTCTACGGCAAGACCGTGCCGGACCACACCATCGCAATGCTCCTGGGCCTGGTCTTCTGCTGC
ATGAACCCCATCGTGTGCCCGGCGGCCCTGGCGTACTTCCTGGTGGCGTGCGTGGGAGAGCGCTAC
AACGTCATCTACGTGTACAGGCCACAGTACGAGAGCGCTGGGCGGCTGTGGAAGACGGTCTACAAC
CAGATCATGGTTGCAATCTACATCATGCTGCTCGCCATGTTTGGCCTGCTGGCCATCAAGAAGTTC
GCGGCCACATTCCTGCTGGTGCCGCTCATCATCGGCGTACTGCTGTCGCACCTCTCCACGCTCACG
CTCTACAGCCGCCCCTGGACCGTCACGGCGCTGCACGACGCTGCGGAGATGGACATGCTGGAGGCG
GACCAGCGCCGTGAGCACCTGCTGGCCATGGCGCGAGACGAGCGCAAGAAGGCTAAGCTGGAGCAG
AAGCAGCGCTACGAGACCGCCTGCATCGCGGCGGAGAAGGAAGACAAGCCCGCCCCGCCAGCGTCC
GACTTCTTCACGGAGATCAAGCCGGGCAAGGCCGAGCGGCTGCTGTATGAGACGCTCGAGGGCGAA
GGCTTTTCGCTCAACAGCGCAGAGAAGAAGGAGATCGCCGACATGGCGGTGCCGCCCACCTGCCTT
GAGGGCGGCGTAAGGATGCACCTGGAGCACCTGGAGGAGGTGGAGAAGCTGGCGCGGGTGGTGCAG
AGCCTGCTGCCCTCGCTCAACCAGTTCGTGTCCGAGTACAAGAACTACCGCCGCACCGTCAAGGCC
CACAAGATCAAGGGCGACACCGCGACCGGCGCCGAAGTGCCGCACATGCCCGAGGACCTTACGATC
TTCGACAACGACCCGCGCCTGGTGAGCCTGGACCAGGAGATGGCGGATCGGCCCGACGACGCCGCC
TCGCTGTCGGCGGCGGAGGCCAGCGACGACGACGAGGAGCGGCTGGGCCGTGACGTGGAGGCGGCG
CTGGGCATGGAGCTGCAGGAGACCAAGAGCGCGGCCGCCAGCTCCAAGGGCTTCAAGCAGGTCTGA
GGTGTCCATGTGGTGGTGGAGGGCGGATGGGAGGAGGT

SEQ ID NO: 509, proteína - Chlamydomonas reinhardtii

MLGLFTLFTIVRVRPWAKRFFAPRRYARDVDLKPKRMSSFYLGWVKPIMLYKEEDIIDEVGLDAAM
YLRVLWFGMELFFMLTLICIPLVLPTNMTSGEIERLLAQAEEAQSLVLNNSVVVQPRNTSLLGDDN
HNDVRFMYMSQGTVVANNMAPWNTSITFNATMVENNVTFVQDFFSNYSCKDTAEPYLSFAAYNMTY
VRISGTKRYNNDSLTVLLKDAIVFLGWQNMSVIPASLQAVNNSGFDYIIVWSLEGETEQTQLTVNG
KEFKFTNFDKYSLSNIPAGSAKMWAHVVALWLVTLFTMWRLREYNLQSVYLRLLFLGNSKRGGPSH
TVLVTDVPFVSDAVACGLRAEEYREKHGLPASVTSLKKSMSIKNPMYEGYESLEGGPDGRTAVGVP
VSTSAGEFRLPGTKSVTIVEPGGKNGAGGAAQQPASSLRSSQAASLKQSQAGALKVHTTNGGGAYA

FIGURA 24 cont.

AETPRANGGGSTAQSGDMRVSEFASATYEAESAAGGDKRSAAGDSGVGGKEGGAVVQAVGVPIEEC
LKYRLHDPEVEPRHAATGGRLLMARVGRTTEELRRDVLREDPEPTWLPPGYGVDTRVLKPDRRSLK
RFRYDVKTLGKKPGDMVLWMRDKAAQLLGGKSHEDKEKEKAELDAARMKREAEDKDHIGPRFRPPV
NATAMDPKEQAKAKLRSGLTPQQMVAQEFALVYQPYNIAAVNMIQDTTGLEPLVAEYLKIEQSLED
YLDMAKLRLKLRKALPMKIVRISPKLQGDAWFAVQSEMIRIVKSQYEYMREQAHARSKQALELMDR
EINPKASRSSRRAEKDVLQKRAVALGAEEANLPRQEAEALAAIQKIMPKRWSAKVDAVTYWLARLK
YLRECIKIQQAVASRKIAPSAFVTFNTRMAQGVASNSLHARDETSWRIMPAPAPIEVVWGNLMMTH
PVRTGRLWLIWVAFWAMTLFFMIPVTLIQALIEVPKLASIPVLGDIVTAPVVKQLLEAIIPGTCRV
VVVFFGSIIAGSFFNQITQWVKDPASVISVLGKSIPMTATFFITYLFVNGLAVRSIQFVRLSDFVV
FWILSKFAGSPRARERMWMNQVQFYGKTVPDHTIAMLLGLVFCCMNPIVCPAALAYFLVACVGERY
NVIYVYRPQYESAGRLWKTVYNQIMVAIYIMLLAMFGLLAIKKFAATFLLVPLIIGVLLSHLSTLT
LYSRPWTVTALHDAAEMDMLEADQRREHLLAMARDERKKAKLEQKQRYETACIAAEKEDKPAPPAS
DFTTEIKPGKAERLLYETLEGEGFSLNSAEKKEIADMAVPPTCLEGGVRMHLEHLEEVEKLARVVQ
SLLPSLNQFVSEYKNYRRTVKAHKIKGDTATGAEVPHMPEDLTIFDNDPRLVSLDQEMADRPDDAA
SLSAAEASDDDEERLGRDVEAALGMELQETKSAAASSKGFKQV

SEQ ID NO: 510, DNA - Saccharomyces cerevisiae

ATGGCTGACAGTTCTTCGACTTCGGCGTTCATTTCAACCCTGATTATCTACGGTCTTACCGCCGTC
GTGTTTGTCTGGCTCTTTTTGCTATTGCGGCCCAAGAATAGAAGAGTATACGAGCCACGGTCTCTT
AAGGACATTCAGACTATTCCGGAGGAAGAGAGAACGGAACCAGTTCCTGAAGGCTACTTCGGGTGG
GTTGAATATCTACTCTCGAAACCGCACTCGTTTCTCATCCAGCACACAAGCGTGGACGGCTATTTT
CTGTTAAGATATATCGGTATCGTGGGTTCACTTTCGTTTGTGGGCTGTTTGCTTCTTTTACCGATA
TTGCTTCCCGTGAACGCTACCAACGGTAACAACCTTCAAGGCTTTGAACTGCTATCATTTTCAAAT
GTTACCAACAAGAACAGGTTTTACGCGCACGTTTTCCTCTCGTGGATCTTTTTTGGCCTGTTCACC
TATGTCATCTACAAGGAGCTGTATTACTACGTCGTGTTTAGACATGCTATGCAGACAACACCACTC
TATGACGGACTGCTGTCTTCTAGGACGGTTATCGTCACAGAATTGCACAAGAGCATCGCTCAAGAG
GGGGAGATGCAAATGCGTTTCCCCAAGGCTTCCAATGTGGCCTTCGCGTATGATCTCTCAGACTTG
CAAGAATTGTGTAAAGAAAGAGCTAAGAACGCTGCGAAGTACGAAGCTGCGTTGAATAAGGTTCTA
AACAAGTGCGTGAAAATGACCCGAAACAAGACCCAAAAGCAACTTGACAAGTTGTACAATAACGGT
ACCAAGCCAAAGGACGATTTAGAGACATACGTGCCACATAAAAAGCGCCCTAAACATCGTTTGGGA
AAATTGCCGCTTTGTCTAGGCGGCAAAAAAGTTAATACGTTGTCTTATTCTAGTAAAAGGATTGGG
GAATTGAACGAAGAGATTCATGAAAAACAAGCCGATTGGGCCAGTAATGATAGGCAACCTGCCTGC
TTTATCCAGTTCGAGACTCAATTGGAAGCGCAAAGATGCTACCAATCTGTGGAAGCAATCTTGGGT
AAGAAAAATTTTGGTAAGCGTCTTATTGGCTACTCGCCAGAAGACGTTAACTGGGGCAGCATGCGT
CTCAGTTCAAAGGAGAGACACTCCAGGAGAGCTGTGGCAAATACAATCATGGTGTTATTGATTATC
TTTTGGGCTTTCCCCGTTGCTGTGGTTGGTATCATCTCCAACGTCAATTTCCTTACCGATAAAGTT
CCCTTCTTACGTTTCATCAACAACATGCCCACCTTCCTGATGGGTGTCATTACTGGTTTGTTGCCT
ACTATTGCGTTGGTCGTTTTGATGTCTCTAGTGCCACCTTTTATCGTAATGTTGGGGAAACTTAGT
GGTTGCGTCACTAGGCAAGAAACGGATCTATACTCCCAAGCATGGTATTACGCTTTCGCTGTGATT
CAAATCTTTTTAGTTGTCACCGCTACCTCTTCTGCATCTTCCACCGTTGACTCGATTATTGACAGA
CCAAGATCCGCCATGACACTATTGGCAAATAACTTGCCAAAGGCATCCAACTTTTATATCATGTAC
TTCATATTGAAAGGTTTAACTGGCCCCACATGGACGATCTTGCAGGCAGTTAACTTGCTGCTAAGT
AAAGTCCTAGGTAGAGTGTTGGATTCTACCCCAAGGCAAAAATGGAACCGCTACAATACTTTGGCC
ACGCCGCGCATGGGCATTGTTTACCCAGGCATTGAAATTCTGGTTTGCATTTATATCTGTTACTCG
ATTATCGCCCCTATACTGCTATTTTTCAGTACCGTAATGTTGACGCTACTTTATGTGGCGTATTTG
TACAATTTAAACTACGTGTTTGGCTTCTCCTTCGATTTAAAGGGGCGCAATTATCCAAGAGCACTT
TTCCAGATTTTTGTTGGAATTTACTTGAGTGAAGTATGTCTGCTTGGACTGTTTATCATGGCAAAA
ACCTGGGGTCCTTTGGTCCTGGAAGTGTTTTGGATCGTGGTCACTGCCCTAGCTCATATATATATG

FIGURA 24 cont.

AAGAGGAAATTCATACCGCTATTCGACGCAGTTCCTTTAAGCGCCATCAGACATGCAAGAGGTGAG
CCCGGCTATTCCTATCCTACATCGGACTTGGGTCTCCAGGAAATCAAGGACATTGCAGATGAAATG
AAGGGCAAATACGAACAAGACAATACACACGGGATTTTGACGCCCGTGACCAAGGATGATTTGAAA
AAGGCCAATCTGATACCAGATAACGATGGCAGCTCAGAGAACGGTACTCCTAGTAACCCCTTTGAG
TCTGGTTCTGAACGTGCCTCTCTCTCTGGATCGAACGCAGAGAGTGACTCGATCAAGAAATTAAAT
GATACTGTTATCAAAAAATCAAGCACTCTCTCCTCCTCTACCAAGGACAACAACGAATCTACTTTT
GTTCCAGAGGGTGAAAAGTTTCGCAAGTTTCACTACAGCGATGTTGAGGCATTGAGAAATAAGCGC
CCTTATGATGAGGATGATCATAGTAAACATGGACCTGAAGGTGCCGTGCCAGTAAACGCTGACGCG
GGAGTTATTTACAGTGATCCGGCAGCTGTCATGAAAGAGCCTCAGGCATTTCCTCCGGATGTTTTG
GAAACCAATACTTGGACAAGAAGAATTCTACAATTCTTCAACCCAAGAAGGTCGTATCCTTTCGAC
AGTGTCAGGATGAGATTCCCACTTGTTTTCAACACCAGCATCGAATACGATGAAGAATATTTGAGC
TCTGCTTATACCGATCCATGTGTCAGAGAGAAAGATCCCATTGTGTGGTGCTGTAAGGATCCGTTA
GGAGTTTCAAAACAGCAAATTCAAGAGGCTAGGTCTAATGGCTTAGATGTAAGAGATGATTTCACA
AGGTACGATGAAAAAGGAAAAGTCATATTCACTTACAACCCTCCTGATTATGAACCTGAGGCTAAA
AAATGA

SEQ ID NO: 511, proteína - Saccharomyces cerevisiae

MADSSSTSAFTSTLIIYGLTAVVFVWLFLLLRPKNRRVYEPRSLKDIQTIPEEERTEPVPEGYFGW
VEYLLSKPHSFLIQHTSVDGYFLLRYIGIVGSLSFVGCLLLLFILLPVNATNGNNLQGFELLSFSN
VTNKNRFYAHVFLSWIFFGLFTYVIYKELYYYVVFRHAMQTTPLYDGLLSSRTVIVTELHKSIAQE
GEMQMRFFKASNVAFAYDLSDLQELCKERAKNAAKYEAALNKVLNKCVKMTRNKTQKQLDKLYNNG
TKPKDDLETYVPHKKRPKHRLGKLPLCLGGKKVNTLSYSSKRIGELNEEIHEKQADWASNDRQPAC
FIQFETQLEAQRCYQSVEAILGKKNFGKRLIGYSPEDVNWGSMRLSSKERHSRRAVANTIMVLLII
FWAFPVAVVGIISNVNFLTDKVPFLRFINNMPTFLMGVITGLLPTIALVVLMSLVPPFIVMLGKLS
GCVTRQETDLYSQAWYYAFAVIQIFLVVTATSSASSTVDSIIDRPRSAMTLLANNLPKASNFYIMY
FILKGLTGPTWTILQAVNLLLLSKVLGRVLDSTPRQKWNRYNTLATPRMGIVYPGIEILVCIYICYS
IIAPILLFFSTVMLTLLYVAYLYNLNYVFGFSFDLKGRNYPRALFQIFVGIYLSEVCLLGLFIMAK
TWGPLVLEVFWIVVTALAHIYMKRKFIPLFDAVPLSAIRHARGEPGYSYFTSDLGLQEIKDIADEM
KGKYEQDNTHGILTPVTKDDLKKANLIPDNDGSSENGTPSNPFESGSERASLSGSNAESDSIKKLN
DTVIKKSSTLSSSTKDNNESTFVPEGEKFRKFHYSDVEALRNKRPYDEDDHSKHGPEGAVPVNADA
GVIYSDPAAVMKEPQAFPPDVLETNTWTRRILQFFNPRRSYPFDSVRMRFPLVFNTSIEYDEEYLS
SAYTDPCVREKDPIVWCCKDPLGVSKQQIQEARSNGLDVRDDFTRYDEKGKVIFTYNPPDYEPEAK
K

SEQ ID NO: 512, DNA - Schizosaccharomyces pombe

ATGTCCGACAGCAGCAGTTCTTCTACGTCGGCGTTCGTATCATCGTTAGTCTTCAATTTTGCTATC
TTTTGCGCCTTCATCGGTCTTTTTTTATGTTTGCGTCCTCGCGAGAAACACGTTTACCAACCTAGA
TGTATTATAGATACTCAACCAAAAGAAGAGAAACCAGAGCCTTCCCCCTCTAGCCCTTTTGGTTTG
TTTGCTTACGTTGTGAAACGCTCTGAGACATATCTTATCCAATACGCTGGTGTGGATGGTTATTTT
TTTATTCGCTATCTCTTCACATTTGGTGCCCTTTGTATCCTAGGCTGTTTAGTTCTTTTCCCCATC
CTCCTTCCTGTAAACGCAACAAACGGTGTGGGTGAAAAGGGATTTGATATTCTTTCATTCTCAAAC
GTCAAAAATCATAATCGATTTTATGCCCATGTTTTTCTCTCTTGGTTGTTTTTCGGTTTCACCATT
TTCATAATATATCGTGAGCTTCGCTATTATGTTATTTTTCGACATGCCATGCAATCTTCAGGTCTT
TATAACAATCTTCCTTCTTCCTCTACGATGTTGCTGACTGAGCTTCCAAACTCAGTTTTAAACGAT
GAGGAAACTCTTCATGAGCTTTTTCCAAACGCTTCTGAGTTTACATGCGTCCGTGATCTCAAGAAG
CTGGAAAAAAAGGTCAAGAAACGCAGTGACCTTGGAAACAAGTATGAGAGTACTCTTAACAGCCTT
ATTAATAAGTCTGTTAAAAAACATAATAAGCTTGTCAAAAAGCATAAGCCACTTCCTTCAACCTTG
GATTATACCGCTTACGTGAAGAAGCGTCCAACTCATCGCCTTAAATTCTTGATTGGAAAAAAGGTT

FIGURA 24 cont.

GATACTATTGACTACTGTAGAGACACGATCGCTGAATTGGATGAGGTTGTCGATAAATTACAAACT
TCACTCGAGGAGCGCAAAAAAGTTGGTTCTGTGTTTATCAGATTCCGTAGTCAAACGGACTTGCAA
ACTGCTTATCAGGCCTTCCTTTACTCAAAAAAGTTTAGAAAATACCGTTTCGGTCGTGCTTTGGTC
GGCATTGCTCCAGAAGATATCGTTTGGTCCAATCTTGACCTTTCTATGTACACCAGAAGAGGCAAA
AAGACTATTTCAAATACTATTCTTACTCTTATGATTATTTCTGGGCATTCCAGTTGCAGTAGTC
GGTTGTATATCCAACGTTAACTATCTTATTGAAAAGGTTCATTTCTTGAAATTTATCGACCATATG
CCTCCAAAATTGCTTGGTATCATTACAGGAATTCTCCCCTCTGTTGCTCTCTCCATTTTGATGTCG
CTTGTTCCACCGTTTATCAAGTTTTTAGGAAAGTTTGGCGGCGCTCTTACCGTTCAAGAGATTGAA
AATTATTGTCAAAACTGGTATTACGCATTTCAGGTCGTTCAAGTCTTTTTGGTAACTACAATGACA
TCGGCTGCTACGTCTGCCGTTGTACAAGTTATTAAAGAACCAGCATCTTCCATGACACTACTTGCC
AGTAATCTTCCAAAGGCGTCTAACTTTTACATTTCATATTTCCTTTTGCAAGGACTTTCAATTCCT
GGAGGAGCTTTATTGCAAATAGTAACATTACTTTTGTCGAAAGTTTTAGGGCGCATATTCGATAAT
ACACCTCGAAAGAAGTGGAATCGCTGGAATCAACTTTCCGCACCTAGCTGGGGTACGGTTTATCCG
GTCTATTCTTTGTTGGTGACTATCATGATTTGCTACTCGATCATTGCTCCTATTATAATTGGATTT
GCCGCTGTAGCATTTGTTTTAATTTATTTTGCATATTCCTATAATTTAATTTATGTCTTAGGGCAT
AACGCTGACGCAAAGGGCAGAAATTATCCTAGAGCTCTTTTCCAAGTATTTGTCGGTCTTTACTTA
GCAGAAGTCTGCTTAATTGGCTTATTTGTTTTGGCTAAGAATTGGGGCGCTACCGTACTCGAAGCC
GTATTTTTGGGTTTTACGGTGGCATGCCATCTTTATTTCAAATACAAATTTTTACCTTTGATGGAT
GCTGTTCCAATTAGTGCTATCGAAAGTGTTTCCGAGCGACCTGAAATTAAATATCCAATGGACCTG
GGTACGTCTGAAATGAAGAACGTGGGTCGTGCTTATCCCGAAATTCTGGAAAAATTGTCATCATCT
TCTGGAAGTGATGAATTCTTAGAAACAAGTAGCAGAACTTCGGAAAATACCAAAGAAAAAATAGAT
AAGGACGACGAGGGCTTTGCTATTACGAATATCTCATCTGTACATAAAATGCCTAGTTTCGTTTTA
AGTTATTTTTCTGACCTTGCTGCTTCTAATAGGATCCTGACTGGATTCGATCGTGTTTTACAATTA
CTTCCTTCATTTTACGATATTCCTGTGCGTGTACGTAATGTACAATATGTGAGTCCTGCTTTGAAA
GCTACACCACCATCAGTTTGGATTCCAAAAGATCCTCTTGGATTGTCGACCTATGCAATTGAGGAT
GCGCGTGGAAAGGTGGATATTTTCGACGATAACACAACATTTAATGAGAAGGGTAATCTCCAATAT
ACTGGTCCACCTCCCGACTACGATGAGGCGATCAGGAGTTAA

SEQ ID NO: 513, proteína - Schizosaccharomyces pombe

MSDSSSSSTSAFVSSLVFNFAIFCAFIGLFLCLRFREKHVYQPRCIIDTQPKEEKPEPSPSSPFGL
FAYVVKRSETYLIQYAGVDGYFFIRYLFTFGALCILGCLVLFPILLFVNATNGVGEKGFDILSFSN
VKNHNRFYAHVFLSWLFFGFTIFIIYRELRYYVIFRHAMQSSGLYNNLPSSSTMLLTELFNSVLND
SETLHELFFNASEFTCVRDLKKLEKKVKKRSDLGNKYESTLNSLINKSVKKHNKLVKKHKPLPSTL
DYTAYVKKRFTHRLKFLIGKKVDTIDYCRDTIAELDEVVDKLQTSLEERKKVGSVFIRFRSQTDLQ
TAYQAFLYSKKFRKYRFGRALVGIAFEDIVWSNLDLSMYTRRGKKTISNTILTLMIIFWAFFVAVV
GCISNVNYLIEKVHFLKFIDHMFFKLLGIITGILFSVALSILMSLVFFFIKFLGKFGGALTVQEIE
NYCQNWYYAFQVVQVFLVTTMTSAATSAVVQVIKEFASSMTLLASNLFKASNFYISYFLLQGLSIP
GGALLQIVTLLLSKVLGRIFDNTFRKKWNRWNQLSAFSWGTVYFVYSLLVTIMICYSIIAFIIIGF
AAVAFVLIYFAYSYNLIYVLGHNADAKGRNYFRALFQVFVGLYLAEVCLIGLFVLAKNWGATVLEA
VFLGFTVACHLYFKYKFLFLMDAVFISAIESVSERFEIKYFMDLGTSEMKNVGRAYFEILEKLSSS
SGSDEFLETSSRTSENTKEKIDKDDEGFAITNISSVHKMFSFVLSYFSDLAASNRILTGFDRVLQL
LFSFYDIFVRVRNVQYVSFALKATFFSVWIFKDFLGLSTYAIEDARGKVDIFDDNTTFNEKGNLQY
TGFFFDYDEAIRS

SEQ ID NO: 514, DNA - Ashbya gossypii

ATGGCAGACGCTAACGACAGTTCAGACTCGAACTCAACGTCCTCCTTTGTTTCGGCGCTGATTTTA
TATGGGATCATCGGGCTAGTTTACACGCTCATCTTCCTCGCGCTGCGCAAGCGCTACAGACGGGTG
TATGAACCACGGACCCTCGACGATGTGCGCACGCTACAGCCTTCGGAGCGGGTGGAGTCGGCACCG

FIGURA 24 cont.

GCGGGGTACGTCTGGTGGCTGCCACACCTGCTCTACAAGCCCCACAAGTCACTGCTGCAGCACATG
GGCGTGGACGCGTACTTCTTCGCACGCTACTTGGCCGTGTTTGGGACGCTGGCGTTGATAGGGTGC
TTTATTCTTTTGCCGATCCTGTTGCCCGTGAACGCGGCGGGCGGCCGCCACCTCCGCGGCTTCGAG
CGCATATCCTTCAGCAACGTGGCCATGAGCCGGCGCCTGTACGCGCACGTGTTCCTGTCGTGGATA
TTCTTTGGGCTCGTGCTCTACGTGATCTACCGCGAGTTGTACTACTATGTGTCCATGCGCCAGGCG
CTGCAGACCTCGCCCTACTACTCGTCGCTGCTGCAGTCCCGGACGGTGCTATTCACGGACGTGCGC
GGCGGCACTGACGCGGAAAGCGTGCTGCGGGGCGCCTTCACTGGCGTGGAGGAGGTCGTCTACGCA
AAGGACCACACAGAGCTCCGCAAATTAGTGAAGGAGCGCAACAAGACTGCAAACAAGTACGAGTCC
GCCCTTAACAAGGTGGTGAACAAGAGCGTCAAGGTGCGCCGCAAGGCCGAGCTCAAGGGCAACACT
GTGTTGCAGCAGCGGGAAGACCTCAAGGACGATGACTTCGAGCGCTACGTGAAAAAGAGGCCCACC
CACAGACTTGGCAAAATACCTTGCGTCGGAGAGAAGGTAGACACCCTGAAACACTGCGCAAGCCGC
CTGGGGTCGCTCAACTCGCGCGTGAAGTCCGAGCAGGAAGAGTGGGAGACCAGCCAGCCTCTAAAT
ACGTGCTTTGTGATTTTCTCTACGCAGCGCGATGCCCAGGAGGCTTACCAGCGGGCGCCCGTGGCC
TTGCCCAAGGGCTCCTACGACCGCTGTATCATAGGCTGTGCCCCAGACGATGTGAACTGGGACAGC
CTTTCAATGAGCAAGAGCGTGCGCAGGTCGAAGCGGCTGGTGGGCAACTCTATCCTGACCGCGATG
ATCATCTTCTGGGCCATCCCGGTCGCCGTGGTGGGCTGTATCTCCAACATCAACTTCCTAACCGAG
AAGGTCCACTTCCTGCGGTTCATTAACAACCTCCCAGACGTGCTGATGGGGCTCATCACGTCATTG
TTGCCCACGATCATGCTCGCAGTGCTAATGTCGCTCGTGCCCATTTTTATCCAGCTCGTGGCGAAC
AAGACAGGCTCGATCAGCCGCCAGGAGACGCAGCTGTACTGCCAGAGATGGTTCTACGCGTTCCAA
GTCGTGCACGTGGTGCTGGTGGTGATGCTCGCGTCTTCCGCAGCTTCGACGGTTACCGCCATCATC
GACGACCCGAACAACGCCTTCGAGCAGCTCGCGCAGAACATGCCGCTGTCCGCTAACTTCTACCTC
TCCTACGTGATGTTGTTCGCCTTCATCTTTGCTTCCGGCGTGCTGTTGCAGCTCACGGGTTTCGTC
CTGAGCTTCATCCTGGGTCGGATCCTAGACTCGACGCCCAGGCAGAAGTGGACGCGCTACAACACG
CTCAACTTGCCGACGTGGGGCGTCATGTACCCGCTCATGGAGCTGCAGGTCTGCATCATGCTCGCG
TACGCGATTGTGACACCGGTGTTGCTGATCATCAGCACGCTGGCCCTGCTGTTCGCATACGTGGCC
TACATGTACGTCTTCAACTACGTCTACGGACTGAAGCACGACTACAAGGGCAGAAACTATGTCAAC
GCGCTGTTCCAGGTCTTTGTGGGCCTCTACCTGGCCGAGGTGTTCCTGTTCGCGCTGTTCATCATG
GGCCGTGCCTGGGGCCCGCTCGTCCTTAACGTGATCATGCTGGCCTTCACCGTGCTCGTGCACCTC
TATCTCCAGCGCCGGTTCCTGCCGCTCGTCGACGCCGTGCCCCTCAGCCTCCTTGACGGCGCCGCC
GGCAGCGTCGGCAAGGACCAGGGCTGGGCCGAGGTCGTCCGCGCAGGCCGCGCGCGCCCGCTGGAC
GGCCTCGTCGCCCTCACCAACAGGCTCACCGGCGCCGCGACGCCGGCCCACCCGGCCCCCGTCAAC
CCCGACGCCGAGAAGGCCGCGCTATCCCGCTCCGCGCCCGCCGCCGCCTCATCCGCGTTGGCCCGC
GTCAAGAACTTCTTCCACCCCAGCGCCGCCTACAACTACGACCTCGCCAAGAGCAGGCTGCCCGAC
ACCTACGACAAGCCGCTCGAGTACGCCGAGGGCTACACCCGCTCCGCCTACACCGACCCCTGTATC
CGCGACAAGGAGCCCGTCCTGTGGGTCCCCGAGGACCCCATGGGCGTCGCCGCCAGGCAGGCCGCC
ATCGCCGAGCAGCACGGAGTTAAGGTCTCCACCAGCCACACCGGCTTCGACGAGAAGGGAGCTGCC
ATTTACACTGACAACCCCCCCGATTACACCCCCTATGACTACGTTAATCACTAG

SEQ ID NO: 515, proteína - Ashbya gossypii

MADANDSSDSNSTSSFVSALILYGIIGLVYTLIFLALRKRYRRVYEPRTLDDVRTLQPSERVESAP
AGYVWWLPHLLYKPHKSLLQHMGVDAYFFARYLAVFGTLALIGCFILLPILLPVNAAGGRHLRGFE
RISFSNVAMSRRLYAHVFLSWIFFGLVLYVIYRELYYYVSMRQALQTSPYYSSLLQSRTVLFTDVR
GGTDAESVLRGAFTGVEEVVYAKDHTELRKLVKERNKTANKYESALNKVVNKSVKVRRKAELKGNT
VLQQREDLKDDDFERYVKKRPTHRLGKIPCVGEKVDTLKHCASRLGSLNSRVKSEQEEWETSQFLN
TCFVIFSTQRDAQEAYQRAPVALFKGSYDRCIIGCAPDDVNWDSLSMSKSVRRSKRLVGNSILTAM
IIFWAIPVAVVGCISNINFLTEKVHFLRFINNLPDVLMGLITSLLPTIMLAVLMSLVPIFIQLVAN
KTGSISRQETQLYCQRWFYAFQVVHVVLVVMLASSAASTVTAIIDDPNNAFEQLAQNMPLSANFYL
SYVMLFAFIFASGVLLQLTGFVLSFILGRILDSTPRQKWTRYNTLNLPTWGVMYFLMSLQVCIMLA

FIGURA 24 cont.

YAIVTPVLLIISTLALLFAYVAYMYVFNYVYGLKHDYKGRNYVNALFQVFVGLYLAEVFLFALFIM
GRAWGPLVLNVIMLAFTVLVHLYLQRRFLPLVDAVPLSLLDGAAGSVGKDQGWAEVVRAGRARPLD
GLVALTNRLTGAATPAHPAPVNPDAEKAALGRSAPAAASSALARVKNFFHPSAAYNYDLAKSRLPD
TYDKFLEYAEGYTRSAYTDPCIRDKEFVLWVPEDPMGVAARQAAIAEQHGVKVSTSHTGFDEKGAA
IYTDNPPDYTFYDYVNH

SEQ ID NO: 516, DNA - Kluyveromyces lactis

ATGTCTGACGCAGAGGGTGCATCATCTTCAACATCGGCATTTGTGACGACTTTGATCGTCAACGGT
GTGATCGCAACTGTATTCGTTTGGCTTTTCTTAACGTTACGTCCAAAACAACAAAGGGTGTATCAA
CCCCGGTCTTTAACGGACATCAAAACGATACCAGAGTCTGAGCGAACAGAAGAAGTCCCGTCAGGG
TATTTTGATTGGGTCCCGTATTTGCTAACAAAACCACATTCATACTTGATCCAGCATGCAAGTATC
GATGGATACTTGTTCTTGCGTTACATCTCCATTTTTGGAGGTATCTCATTAATCGGTTGCTTTATA
CTTTTCCCAATTTTATTGCCGGTCAATGCTACCAATGGTTACAATCTAGAAGGGTTTGAATTGCTT
GCTTTTTCGAACGTTAGCAACAAGAATAGATTCTTTGCACATGTATTTTTGTCTTGGATCTTCTTT
GGTCTAATCATCTTTATCATCTACAGAGAATTATACTATTACGTTACGCTTCGTCATTCCATTCAG
ACTTCTCCATTGTACGATGGGTTACTCTCTTCTAGAAGTATAATTTTGACCGACTTGCAGGGCGAT
TTTTGCTCTGAACCGGAGTTGAACGAAAGATTTTTGAATGTATCACAAGTTTTCCTTGCTCGTGAT
TTGAGTACCTTGCATGAATTGGTTAAGGAGCGTGCTCAACTCGCCAACAAATATGAATCTACACTA
AACGGAGTCATCACCAAATCGGTTAAGAAGAAATTAAAAGCTGATAAAAAGGGTGAAAAGGTAGCA
GAGGGAACCACTAATTTGGATCAACCTCAAAATGATTTGGAAACTTACATTCCACTGAAGAAAAGA
CCAAAGCACAGGTTATCCAAGATTCCTATATTAAATATTTGTTTGAGTGAGAAGGTTGACACATTG
GACTACTCTGTGAAACATATCAGTGAGTTGAATGAAAAAATTGGTACAGAGCAGGAAAGCTGGGAA
GATAATAACACCGTAGGATCGGCATTTATCGAATTCAAGACTCAATACGATGCGCAAAGAGCTTAT
CAATCAATCCCATATTTGTTCGATAAAGATATCTACGACAGCGCTTTAATTGGTTACGGACCAGAT
GACGTTATCTGGGAAAGCACAAGTATGAACAGGAAGACAAGAAAAGTCAAGAGATTAGGTGGTAAC
ACAATTTTAACATTGATGATCATATTTTGGGCCATTCCTGTTGCTGTGGTTGGTTGTATCTCTAAC
ATCAACTTTTTGACCGACAAGGTGCCATTTTTAAGGTTTATTGATAACATGCCTGATGTTTTGATG
GGTGTTATTACTGGTTTATTGCCAACTATTCTTTTGGCATTATTAATGTCTTTGGTTCCTGTATTC
ATTAAAAAGGTTGCTATGATGACAGGAGCTTTGACAAGGCAAGAAATTGAGCTATATTGTCACGCA
TGGTATTATGCATTCCAAGTGGTTCAAGTTTTTATAGTCGTTACTTTGGCATCTTCGGCATCCAGT
ACTGTCACAGATATCATCGATGAACCTGATTCTGCTATGACGTTGTTGGCTCAAAATTTGCCAAAG
GCTTCTAACTTCTACATCGCCTATTTCTTATTGCAAGGTTTGACTGTGCCAAGTGGAGCTTTGTTG
CAAGTTGTTGCATTGATTTTGAGTAAAGTTCTTGGAAGAGTGCTTGACAAAACACCTAGGCAAAAA
TGGGCTCGTTATAACACACTTTCTCAGCCTAGCTGGGGTGTCGTTTATCCGGTCTTAGAATTGTTG
GTATGTATCTTCATCACTTACTCTATCATTGCACCAATCATCTTGGTATTCTCTACCGTTGCACTA
GGTTTCTTCTTCCTTGCCTATTTGTACAATTTGACATATGTGATGAGCTTCAGCTATGATTTACGT
GGTAGGAACTATCCAAGAGCATTATTCCAAGTATTTGTTGGATTGTACTTAGCTGAAATATGTCTA
ATTGGTCTTTTCATCATGGCCAAGACATGGGGTCCTTTGGTTTTGGAAGCAGTCTTCTTGGCTGCT
ACTGCTCTTGCCCATATTTACTTCAAGAGAAGATTTATTCCATTGTTTGATGCAGTTCCATTGAGC
GCAATCAGATACGCTAGAGGTGAAGAAGGTTCTTATTACCCAGCCAAGGATCAAGGTTTGAACGAA
ATTCAAGTCGAAGGTAAGAAACTTGCAGAAAACATTCTATCTGAAGATAGAAATGGGGTCTTCCAA
GAAACTACAAAACAAGATTTGCAGAGAGTTAACATGCTGCCTGATGAGTATGAAGATTCTCTTGAA
AATGATTCAAAGAGCAATAATGGTAACGGAACTATTTCGGGCAGCTCGAAACAGAATCCAAGCACC
TTTGTCAACGATTCAGAACAATTCCATAAGACAAAAGTACCTCCACAAATTCCACCACCAGAAGTT
CACCAGGAAGAAAGAGACCCCAACATCATTGTCAACCGCGCGGATGCTGGGCAAGTTATCTCCGAT
GTTAAGGGTTACCCAATAAATGCACCAGAAGAGCAACTCGGTTTACCATCCGATCTGATCAGACCA
AAGAGTATCGTGGCCCGTTGCAAGCTATTCTTCCAACCTCAGAAGTACTACGATTTCGCTATTGTA

FIGURA 24 cont.

AGGCAAACTCTACCTTATGTCTTCAATGACGTCATTAGATACGATTTGGAGTACTTGGAAACCGCC
TTCACCGAGCCTTGTGTTAGAGAGAAGGAACCAATTATATGGTGTGCAAGAGATCCTATGGGATTG
TCCCATCAGCAAATATCCATTGCATCTGCCAGTGGTGTGGATGTTAGAGATGATTTCGCTGGTTAT
GACGAGACGGGTAAGACAACATACTCTAATAGTCCTCCAGACTACGAAATGATTGCCAAAAAGTGA

SEQ ID NO: 517, proteína - Kluyveromyces lactis

MSDAEGASSSTSAFVTTLIVNGVIATVFVWLFLTLRFKQQRVYQPRSLTDIKTIPESERTEEVFSG
YFDWVPYLLTKPHSYLIQHASIDGYLFLRYISIFGGISLIGCFILFPILLPVNATNGYNLEGFELL
AFSNVSNKNRFFAHVFLSWIFFGLIIFIIYRELYYYVTLRHSIQTSPLYDGLLSSRSIILTDLQGD
FCSEPELNERFLNVSQVFLARDLSTLHELVKERAQLANKYESTLNGVITKSVKKKLKADKKGEKVA
EGTTNLDQPQNDLETYIPLKKRPKHRLSKIPILNICLSEKVDTLDYSVKHISELNEKIGTEQESWE
DNNTVGSAFIEFKTQYDAQRAYQSIPYLFDKDIYDSALIGYGPDDVIWESTSMNRKTRKVKRLGGN
TILTLMIIFWAIPVAVVGCISNINFLTDKVPFLRFIDNMPDVLMGVITGLLPTILLALLMSLVPVF
IKKVAMMTGALTRQEIELYCHAWYYAFQVVQVFIVVTLASSASSTVTDIIDEPDSAMTLLAQNLPK
ASNFYIAYFLLQGLTVPSGALLQVVALILSKVLGRVLDKTPRQKWARYNTLSQPSWGVVYPVLELL
VCIFITYSIIAPIILVFSTVALGFFFLAYLYNLTYVMSFSYDLRGRNYPRALFQVFVGLYLAEICL
IGLFIMAKTWGFLVLEAVFLAATALAHIYFKRRFIPLFDAVPLSAIRYARGEEGSYYPAKDQGLNE
IQVEGKKLAENILSEDRNGVFQETTKQDLQRVNMLPDEYEDSLENDSKSNNGNGTISGSSKQNFST
FVNDSEQFHKTKVPPQIPPFEVHQEERDPNIIVNRADAGQVISDVKGYPINAPEEQLGLPSDLIRP
KSIVARCKLFFQPQKYYDFAIVRQTLPYVFNDVIRYDLEYLETAFTEPCVREKEPIIWCARDPMGL
SHQQISIASASGVDVRDDFAGYDETGKTTYSNSPPDYEMIAKK

SEQ ID NO: 518, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 2

LEAEQKTTLREKQQQAAIVFFNRRSAAASASQTLHAQMFDKWTVEQAPEFRQIIWSNPSKKIYERQ
IRQVVVYTIVFLTVVFYMIPITAISALTTLEKLREKLPFLKVVVDQPKIKTVLQAYLP

SEQ ID NO: 519, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 4

ETDERGKIMKDFKSVVPAAFVSFRSRWGAAVCAQTQQTSNPTVWLTEWAPEPRDVYWDNLSIPFVY
LTIRRLIIAVAFFFLNFFYVLPIAFVQSLANIEGIEKAAPFLKPLIEMRTIKSFIQGFLPGIALKI
FLILLPSILMFMSKVEGLTSVSSLERRSAFKYYTFLFFNVFLGSIIAGSALEQLKTFLHQSANEIP
RTIGEAIPMKATFFITYVMVDGWAGVAGEILRLKPLIIFHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGSIGFDS
NEPQIQLYFLLGLVYAVVTPFLLPFILIFFGLAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPSVHGRIIVA
LIVSQLLLLGLLSTKGAGQSTPVLLVLPVVTFYFYKYCKNRYEPAFVEYPLQDAMRKDTLERAREP
GFDLKGYLMNAYIHPVFK

SEQ ID NO: 520, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 6

SIRLLQCENMLKRKELPVAFVSFKSQLDAAQAAEMQQHVNPLSLVTTYAPEPPDALWTNLAIPFCR
IAIYKLGVFIAAFLLIVFFTIPVTAVQGIVQFEKIKIWFPPARAVELIPGLNSVVTGYLPSMILNG
FIYLIPFAMLGMASFEGCIAKSQKEIKACNMVFYFLLGNVFFLSILSGSLLHQIGESFTHPKDIPS
RLARAVSAQSDFFITYILTDGMSGFSLEVLQFGLLTWHFFKAHSIGHSEQPYLYGFPYYRVVPIVS
LAVLIGLVYAVVAPLLLPILVIYFLLGYAVYINQMEDVYEITYDTCGQYWPNIHRYIFLSVTLMQI
TMLKSKPGASFATVPLLVSTILFNEYCKVRFLPTFLHRPVQVAKENDDLNEAEGMRGDLDHAISAY
KPP

SEQ ID NO: 521, proteína - DUF221 domínio daSEQ ID NO: 8

KKLVLGSRLSDYKDGRAPGAGIAFVVFKDVYTANKAVRDFRMERKKTPIGRFFPVMELQLERSRWT
VERAPPASDIYWNHLGLSKTSLGLRRIAVNTCLILMLLFFSSFLAIISGMQSAARIINVEAMDNAK
SWLVWLQSSSWFWTIIFQFLPNVLIFVSMYIIIPSVLSYFSKFECHLTVSGEQRAALLKMVCFFLV

FIGURA 24 cont.

NLILLRALVESSLESWILSMGRCYLDSVDCKQIEQYLSPSFLSRSSLSSLAFLITCTFLGISFDLL
APIFWIKHVMKKFRKNDMVQLVPEENEDYQLMHDGEETNNLRAPLMSEREDSGILNGIEEHDLSLY
PINRSFHMPKQTFDFAQYYAFDITIFALTMIYSLFAPLTVPVGAVYFGYRYLVDKYNFLFIYRVRG
FPAGNDGKLMDMVICIMQFCVIFFLVAMLLFFAVQGDPMKLQAICTLSLLVFYKL

SEQ ID NO: 522, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 10
KHDVKDSELSLPDKDCGAAFVFFKTRYAALVVSEIVQTSNPMEWVTSLAPDRDDVYWSNLWLPYKQ
LWIRRIVTLSGSIVFMFLFLIPVTFIQGLTQLEQLQQRLPFLNGILKKKYITQLVTGYLPSVILQI
FLYTVPPTMMFFSTLEGPVSHSERKRSACCKVLYFTIWNVFFVNVLSGSAISQVNALSSPKDIPMV
LARAVPVQATFFTTYVLTSGWASLSSELMQLFGLTWNFIMKYVLRMKEDSYFVPSFPYHTEVPKVL
LFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYVVYRNQFLNVYCTKYDTGGLYWPIAHYTTIFSIVLTQI
ICLGVFGLKESPVAAGFTVPLIILTLLFNQYCSNRLRPLFKTLPAQDLIDMDREDEQSGRMDDIHH
RLHSAYCQFADT

SEQ ID NO: 523, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 12
KPDLSDPEVIEAQKDCPGAIVFFKTRYAAIVASRILQSSNPMLWVTDFAPEPRDVYWSNLWIPYRQ
IWLRKIATLAASVAFMFVFIVPVAFVQSMMQLDQIEQLFPSLKNMLKKFFFVKLVTGYLPSVVLLL
SLYTVPPLMMFFSSIEGSISRSGRKKSACCKILFFTIWNVFFVNVLSGSVLNQLNVFTRPRDMPSM
LAELVPKQATFFITYVLTSGWASLCSEILQVYNLVYNFFRKCIFCYRDDPEYGYSFPYHTEVPKVL
LFNLLGFTFSIMAPLILPFLLVYFCLGYLVYRNQILNVYYPKYEMGGKLWPIMHSTLVFALVLTQT
IALGVFTIKHATISSGFTVLLIIGTVLFHQYCRHRFSSIFNSFSAQDLIEMDRDDEQSGRMEEIHK
HLLDAYSQGTIN

SEQ ID NO: 524, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 14
EDEERHKVITDPNAIMPAAFVSFKSRWGAAVCAQTQQTSNFTLWLTEWAPEPRDVFWPNLAIPFVE
LSVRRLIMAVALFFLTFFFMIPIAIVQSMANLDDIERMLPFLKPIIERNSLKSIVQGFLPGIALKI
FLILLPTFLVMMSKIEGHTSLSGLDRRTASKYYLFLFVNVFLGSVITGTAFQQLNNFIHQSANKIP
EIVGESIPMKATFFITYVMVDGWAGVAAEVLRLKPLVMFHIKNTFLVRTERDREQAMDPGSLDFGT
TEPRIQLYFLLGLVYAVVTPILLPFIIVFFSLAYLVFRHQIINVYNQQYESGAQFWPDVQRRLVIA
LIVSQILLLGLLSTQEAEKSTVALLPLPVLSIWFHYVCKGRFEPAFIKFFLQDAMVKDTLERANDP
TLNLREYLKDAYVHPVFQ

SEQ ID NO: 525, proteína - DUF221 domain of SEQ ID NO: 16
EADERQKIMKDPQSAVPAAFVSFRSRWGAAVCAQTQQTSNFTVWITEWAPEPRDVYWNNLSIPFVS
LTVRRLIVAVAFFFLNFFYVIPIAFVQSLASLEGIEKALPFLKPLIKIDVIKSFIQGFLPGIALKV
FLILLPTILMFMSKFEGLISQSSLERRSASKYYIFLFFNVFLGSIVTGSALDQLKAYIHQSANEIP
RTIGVAIPMRATFFITYVMVDGWTGVAGEILRLRALIIFHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGSICFDW
CEPRIQLYFLLGLVYAVVTPLLLPFILVFFGLAYVVYRHQIINVYNQQYESGAQFWPSVHGRIIIA
LIVSQLLLIGLLSTKGFEETTPVLVVLPVLTFWFYKYCKNRFEPAFVRNPLQEAMRKDTLERAREP
TFDLKAYLANAYLHPVFK

SEQ ID NO: 526, proteína - DUF221 domain of SEQ ID NO: 18
LEAEQKTTLREKQQQAAIVFFNRRSAAASASQTLHAQMFDKWTVEQAPEFRQIIWSNLSKKIYERQ
IRQVVVYTIVFLTVVFYMIPITAISALTTLEKLREKLPFLKVVVDQPKIKTVLQAYLPQLALIVFL
ALLPSLLMFLSKLEGIPSQGHTVRAAAGKYFYFIVFNVFLGVTISSTLFSALTTIINNPPGIVNML
ASSLPGSATFFLTFVALKFFVGYGLELSRLVPLIIFHLKRKYLCKTEDEVRAAWAPGDLGYNTRVP
NDMLIVTIVLCYSVIAPLIIPFGVAYFALGWIIVKNQVLRVYVPSYESNGRMWPHMHTRIIAALLI
YQITMVGVILLKKFLYSPVLVPLIPISFIFAYICHMRFYFAFAKTPLEVVQHNVKDTPNMDAVYTS
YIPACLKPEKLEDVD

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 527, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 20
LASERQRVLNDPKAVMPVAFVTFDSRWGAAVCAQTQQSKNPTQWLTDWAPEPRDVYWQNLAIPFFS
LSIRKFLISIAVFALVFFYMIPIAFVQSLANLEGIEKVAPFLRPVIDTPVVKSFLQGFLPGLALKI
FLYILPTVLMIMSKVEGYVSLSSLERRAASKYYYFMLVNVFLGSIIAGTAFEQLNAFFHQPPSQIP
RTIGVAIPMKATFFMTYIMVDGWAGIANEILRVKPLVIYHLKNMFIVKTERDRERAMDPGSIGLAE
NLPSLQLYFLLGLVYAVVTPILLPFIIIFFAFAFLVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPQVHSRIIAS
LLISHVTLFGLMSTMKAAYSTPLLIFLPLLTIWFHKYCKSRFEPAFRKYPLEEAMEKDNLERTSEP
NLNLKSYLQNAYLHPIFH

SEQ ID NO: 528, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 22
NVRMEQSDTTRSRQEVPAAFVSFRSRYGAANAIYIRQSDKPTEWQTEHAPDPHDVYWPFFSTSFMD
RWISKFVVSVASILLILVFLLVSAFVQGLTYMEQLETWLPFLRNILEIAVVSQLVTGYLPSVILHF
LSSYVPSIMKLFSTMQGFISVSGIERSACNKMLRFTIWSVFFANVLTGSVLGQLEIFLDPKEIPKR
LAVVVPAQASFFITYVVTSWTSIASELTQTAALLFHLWGSCAKCCKRDESKPPSMHYHSEIPRVLL
FGLLGLTYFIVSPLILPFVLVYFCLGYFIYRNQLFNVYSPKYDTGGRFWPIVHGGTIFSLVLMHVI
AIGVFGLKKLPLASSLLVPLPVLTLLFNEYCRNRFLPIFEAYSTESLIKKDREEESKPEMAEFFSN
LVNAYCDFAMK

SEQ ID NO: 529, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 24
KSDLQDSSLKLDDQECAAAFVYFRTRYAALVASEILQTSNPMKWVTDLAPEPDDVYWSNLWLPYKQ
LWIRRIATLLGSIVFMLFFLIPVTFIQGLSQLEQLQQRLFFLKGILEKKYMSQLVTGYLPSVILQI
FLYAVAPIMILFSTLEGPISHSERKRSACCKVLYFTVWNIFFGNVLSGTVISQLNVLSSPKDIPVQ
LARAIPVQATFFITYVLTSGWASLSSELMQLFGLIWNFVRKYILRMPEDTEFVPSFPYHTEVFKVL
LFGLLGFTCSVLAPLILPFLLVYFFLGYIVYRNQLLNVYRTRYDTGGLYWFIAHNAVIFSLVLTQI
ICLGVFGLKESPVAAGFTIPLIILTLLFNQYCRNRLLPLFRTTPAQDLIDMDREDERSGRMDEIHN
RLHSAYCQFHDT

SEQ ID NO: 530, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 26
ELGELTLTTTEEERPVAFVFFKSRYDALVVSEVLQTPNPMLWVADLAPEPHDVHWRNLRIPYRQLW
MRRIATLVGAIAFMFVFLFPVTFVQGLTQLPTLSKNFPFLKDLLNRRFMEQVITGYLPSVILVLFF
YTVPPLMMYFSTLEGCVSRSQRKKSACLKILYFTIWNVFFVNILSGSVIRQFTVLNSVRDVPAQLA
KLVPAQAGFFMTYCFTSGWAGLACEIMQFVGLIWNLIAKVIVKNKEESYETLRFPYHTEIPRLLLF
GLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFFAYLIYKNQIINVYITKYESGGQYWPVFHNTTIFSLILSQVIA
LGFFGLKLSTVASGFTIPLILLTLLFSEYCRQRFAPIFQKYPAEILIAMDRADEMTGKMEEIHNNL
KVAYSQIFTC

SEQ ID NO: 531, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 28
IMEERKKVKKDDTSVMPAAFVSFKTRWGAAVSAQTQQSSDPTEWLTEWAPEAREVFWSNLAIPYVS
LTHRRH

SEQ ID NO: 532, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 30
LETEQKAVLAEKQQTAAVVFFTTRVAAASAAQSLHCQMVDKWTVTEAPEPRQLLWQNLNIKLFSRI
IRQYFIYFFVAVTILFYMIPIAFVSAITTLKNLQRIIPFIKPVVEITAIRTVLESFLPQIALIVFL
AMLPKLLLFLSKAEGIPSQSHAIRAASGKYFYFSVFNVFIGVTLAGTLFNTVKDIAKNPKLDMIIN
LLATSLPKSATFFLTYVALKFFIGYGLELSRIIPLIIFHLKKKYLCKTEAEVKEAWYPGDLSYATR
VPGDMLILTITFCYSVIAPLLILIFGITYFGLGWLVLRNQALKVYVPSYESYGRMWPHIHQRILAAL
FLFQVVMFGYLGAKTFFYTALVIPLLITSLIFGYVCRQKFYGGFEHTALEVACRELKQSPDLEEIF
RAYIPHSLSSHKPEEHE

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 533, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 32
ELGELTMTTTTTEQERSAAFVFFKTRYDALVVSEVLQSSNPMLWVTDLAPEPHDVYWKNLNIPYRQ
LWIRKIATLVGAVAFMFVFLIPVTFIQGLTQLVQLSHAFPFLRGILSKNFINQVITGYLPSVILIL
FFYAVPPLMMYFSALEGCISRSIRKKSACIKVLYFTIWNVFFVNILSGSVIRQLNVFSSVRDIPAQ
LARAVPTQAGFFMTYCFTSGWASLACEIMQPMALIWNLVAKVVTKNEDESYETLRFFYHTEIPRLL
LFGLLGFTNSVIAPLILPFLLIYFFLAYLIYKNQILNVYITKYESGGQYWPIFHNTTIFSLILTQI
IALGFFGLKLSTVASGFTIPLILLTLLFSEYCRQRFAPIFNKNPAQVLIDMDRADEISGKMEELHK
KLHNVYSQIFLH

SEQ ID NO: 534, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 34
IMEERKRIKKDDKSVMQAAFVSFKTRWGAAVCAQTQQTKNPTEWLTEWAPEAREMYWPNLAMPYVS
LTVRRFVMHIAFFFLTFFFIIPIAFVQSLASIEGIEKSAPFLSPIVKNKLMKSLIQGFLPGIVLKL
FLIFLPTILMIMSKFEGFISISSLERRAAFRYYIFNLVNVFLGSVITGSAFEQLDSFLKQSANDIP
RTVGVAIPIKATFFITYIMVDGWAGVAGEIFRLKPLVIFHLKNFFFVKTEKDREEAMDPGQIDFYA
TEPRIQLYFLLGLVYAPVTPVLLPFIIFFFGFAYLVFRHQKYESAGAFWPDVHGRIISALIISQIL
LLGLMSTKGKVQSTPFLLVLAILTFGFHRFCKGRYESAFVINFLQEAMIKDTLERAREPNLNLKGF
LQNAYVHPVFK

SEQ ID NO: 535, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 36
NIRLGQAEVSAPGKEVRAAFVSFKSRYGAATALHMPQSINPTYWLTEPAPEPHDVHWPFFSASFMQ
KWLAKILVVFACLLLTILFLVPVVLVQGLTNLPALEFMFPFLSLILSMKVVSQIITGYLPSLILQT
SLKVVPPTMEFLSSIQGHICHSDIQKSACNKVIWFTIWNVFFATVFSGSAFYKLSVILDPKQIPLK
LAVAVPAQASFFIAYVVTTGWTDTLTELFRVVPFMVSYIKRSFEPSDENEFVVPPMRYHRDTPRVL
FFGLLGITYFFLAPLILPFILLYFILAYIIYRNQFMNVYAPKFDTGGMFWPMIHYTMIFSLVLMQA
IAIGLFALKKMELATYLLVPLPVFTLLFNEFCRKRFMPIFTDYPAEVLTKRDKEDRNDPTMPEFYN
NLVSAYKDPALL

SEQ ID NO: 536, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 38
DMRLKQSLLAGEEVPAAFVSFRTRHGAAIATNIQQGIDPTQWLIEAAPEPEDVHWPFFTASFVRRW
ISNVVVLVAFVALLILYIVPVVLVQGLANLHQLETWFPFLKGILNMKIVSQVITGYLPSLIFQLFL
LIVPPIMLLLSSMQGFISHSQIEKSACIKLLIFTVWNSFFANVLSGSALYRVNVFLEPKTIPRVLA
AAVPAQASFFVSYVVTSGWTGLSSEILRLVPLLWSFITKLFGKEDDKEFEVPSTPFCQEIPRILFF
GLLGITYFFLSPLILPFLLVYYCLGYIIYRNQVTEPISLLSIILC

SEQ ID NO: 537, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 40
ISEEKETVMSSTKSLVPAAFVSFKKRWGAVVCSQTQQSRNPTEWLTEWAPEPRDIYWDNLALPYVQ
LTIRRLVIAVAFFFLTFFFMIPIAFVQTLANIEGIEKAVPFLKPLIEVKTVKSFIQGFLPGIALKI
FLIVLPSILMLMSKFEGFISKSSLERRCASRYYMFQFINVFLCSIIAGTALQQLDSFLNQSATEIP
KTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGEILRLKPLIIYHLKNFFLVKTEKDREEAMDPGTIGFNT
GEPQIQLYFILGLVYAAVSPILLPFILVFFALAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHRRVVIA
LIVSQLLLMGLLSTKKAARSTPLLFILPVLTIGFHKFCQGRYQPIFVTYPLQDAMVKDTLERMREP
NLNLKTFLQNAYAHPVFK

SEQ ID NO: 538, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 42
MIYHLQSETMLREKELPVAFVTFKSRRNAALAAQTQQHSNPLELITEMAPEPRDVSWRNLAIPQKI
LPLNKIGVILAAALLTIFFAIPVTAVQGIAKYEKLKKWFPPAMAIEFIPGLSSVVTGYLPSAILKG
FMYIIPFAMLGLAYLGGSISNSKEEIKACNMVFYFLMGNVFFLSLISGSLLDEIGEYLTHPRDIFS

FIGURA 24 cont.

HLAAAVSAQAEFFMTYILTDGLSGFSLEILQLGLILFDIIRSYTYGRGKERTPYLFSFPYFRVIPT
VSLSIMIGMIYAVVAPLMLPFLVGYFCLGYIVYFNQMEDVYETTYDTCGRFWPFIHHYIFVSIILM
QITMVGLFGLKSKPSAAIATVPLILITIAYNEYCKIRFLPSFKHFPIQTAVEIDEEDEKNGEMETH
YVDAATAYNRHQFC

SEQ ID NO: 539, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 44
MSLERQKVLKDSKLMLPVAFVSFDSRWGAAVCAQTQQSKNPTLWLTSSAPEPRDIYWQNLAIPFIS
LTIRKLVIGVSVFALVFFYMIPIAFVQSLANLEGLDRVAPFLRPVTRLDFIKSFLQGFLPGLALKI
FLWILPTVLLIMSKIEGYIALSTLERRAAAKYYYFMLVNVFLGSIIAGTAFEQLHSFLHQSPSQIP
RTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGIAGEILRLKPLVIFHLKNMFIVKTEEDRVRAMDPGFVDFKE
TIPSLQLYFLLGIVYTAVTPILLPFILIFFAFAYLVYRHQIINVYNQQYESCGAFWPHVHGRIIAS
LLISQLLLMGLLASKKAADSTPLLIILPILTLSFHKYCKHRFEPAFRQYPLEEAMAKDKLEKETEP
ELNMKADLADAYLHPIFH

SEQ ID NO: 540, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 46
IAEERENVVNDQKSVMPASFVSFKTRWAAAVCAQTTQTRNPTEWLTEWAAEPRDIYWPNLAIPYVS
LTVRRLVMNVAFFFLTFFFIIPIAFVQSLATIEGIEKVAPFLKVIIEKDFIKSLIQGLLAGIALKL
FLIFLPAILMTMSKFEGFTSVSFLERRSASRYYIFNLVNVFLGSVIAGAAFEQLNSFLNQSFNQIP
KTIGMAIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGEILMLKPLIIYHLKNAFLVKTEKDREEAMNPGSIGFNT
GEPQIQLYFLLGLVYAPVTPMLLPFILVFFALAYVVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHGRVITA
LIISQLLLMGLLGTKHAASAAPFLIALPVITIGFHRFCKGRFEPAFVRYPLQEAMMKDTLERAREP
NLNLKGYLQDAYIHPVFK

SEQ ID NO: 541, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 48
ISEEKQRLRTGTKSIVPAAFVSFKSRWGAAVCAQTQQTRNPTEWLTEWAAEPRDIYYDNLALPYVD
LKIRRLIVGVAYFFLTFFFMIPIAFVQSLANIEGIEKAFPFLKPLIEVKLLKSIIQGFLPGIALKI
FLLFLPRILMQMSKFEGFVSTSSLERRAATRFYMFQFINVFLGSIVTGTAFQQLNSFLNQSANDIP
KTIGVSIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGEILRLKPLIIYHLKNSFLVRTEKDREEATDPGTIGFNT
GEPQIQLYFLLGLVYAAVSPILLPFILVFFGLAFVVYRHQVINVYNQKYESAGKFWPDVHRRVVTA
LVVSQLLLMGLLSTKHASKSTPLLLVLPLLTIGFHKHCKNRYQPAFVTYPLQQEAMIKDTLDRIRE
PNLNLKAFLRDAYAHPEFR

SEQ ID NO: 542, proteína - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 50
ISKEREEVVNDPKAIMPAAFVSFKTRWAAAVCAQTQQTRNPTQWLIEWAFEPRDVFWSNLAIPYVS
LTVRRLIMHVAFFFLTFFFIVPIAFVQSLATIEGIVKAAPFLKFIVDDKFMKSVIQGFLPGIALKL
FLAFLPSILMIMSKFEGFTSISSLERRAAFRYYIFNLVNVFLASVIAGAAFEQLNSFLNQSANQIP
KTIGVAIPMKATFFITYIMVDGWAGVAGEILMLKPLIMFHLKNAFLVKTDKDREEAMDPGSIGFNT
GEPRIQLYFLLGLVYAPVTPMLLPFILVFFALAYIVYRHQIINVYNQEYESAAAFWPDVHGRVIAA
LVISQLLLMGLLGTKHAALAAPFLIALPVLTIGFHHFCKGRYEPAFIRYPLQEAMMKDTLETAREP
NLNLKGYLQNAYVHPVFK

SEQ ID NO: 543, protein - DUF221 domínio da SEQ ID NO: 52
LRADLESQLAAYKEGRAQGAGVAFVMFKDVYTANKAVQDFRNERSRRTGKFFSVTELRLQRNQWKV
DRAPLATDIYWNHLGLTKVALIVRRVIVNTILLLILVFFSSPLALISALVSAGRIFNAEALDSAQY
WLTWVQTSGWIGSLIFQFLPNVFIFVSMYIVIPSALSYLSKFERHLTVSGEQRAALLKMVCFFLVN
LIILKALVESSLESALLKMSRCYLDGEDCKRIEEYMSPSFLSRSCVSALAFLITSTFLGISFDLLA
FIPWIKKKIQKFRKNDMLQLVPEQNEEYALENQEPSSNLETPLLFENMFESFRFGDIEPMSQDLSE
YPISRTSPIPKQKFDFAQYYAFNLTIFALTMIYSSFAPLVVPVGAVYFGYRYIVDKYNFLYVYRVR
GFPAGNEGKLMDTVLCIMRFCVDLYLVSMLLFFSVKGDSTKLQAIFTLGVLVMYKL

FIGURA 24 cont.

SEQ ID NO: 544, proteína - DUF221 domínio - sequência de consenso

IXXERXXVLXDXXXXXXXXVPAAFVSFKSRWGAAVAAQTQQTXNPXXXXXXXXXXXXXXXXXXEXWL
TEXAPEPRDVYWXNLAIPYVXLXIRRLVVXVAXFXLMFFFMIPIAFVQSLAXXXXXXNLEXLEKXX
PFLKXILXXXXIKSVIXGFLPXXIILXIFLXILPXILMXMSKLEGXISXSXLERXAXXKXYXFXLX
NVFLGSVLSGSALXQLXXFLXXXXXXXSXXXDIPXXLAXAIPXXXATFFITYVMXXGWAGVAXEIL
XLKPLIIXHLKXXFLXXTEXXXXXAXDPXSIXYXTXIPXIXLYXLLGLXYAVVAPLLLPFILVYFX
LAYLVYRXQIINVXXXXYXXXYESGGXFWPXVHXXIIXALILSQILLLGLXXXKXAXXATXXLIXL
XVLTIXFXXYCKXRFXPXFXXYPLQXEXMXXDXXEXXXXXXXXLXXXLXXAYXXXXXX

where X can be any naturally occurring amino acid

SEQ ID NO: 545, proteína - Motivo 1

AP(E/D/R)P(R/H/E/N)(Q/D/A)(I/V/A)XW

where X can be any naturally occurring amino acid

SEQ ID NO: 546, DNA - iniciador 1

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGACACCGCGTCGT

SEQ ID NO: 547, DNA - iniciador 2

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCAGCACTTGCATTAGATGGAT

SEQ ID NO: 548, DNA - Oryza sativa

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTTCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGT
CGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCTCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTT
ATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCC
TGTTCTTGGATTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGT
ATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATT
TTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTAC
GGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTC
CCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTT
AAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGA

FIGURA 24 cont.

AACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTT
TTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATG
CTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGA
AGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATT
CATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAA
CTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGT
AGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCG
GGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACT
TTCACCAGCAAAGTTC

SEQ ID NO: 549, DNA – cassete de expressão

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATT
TTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACA
GAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAGGCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAA
ATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGG
TCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTAT
TGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTG
TTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTAT
GGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGGTTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTT
GTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACG
GTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCC
CTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTA
AGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGAA
ACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTTT
TTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGC
TTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGAA
GAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATTC
ATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAC
TGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGTA
GAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGG
GATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTT
TCACCAGCAAAGTTCATTTAAATCAACTAGGGATATCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAA
CAATGGACACCGCGTCGTTCGTGACGTCGCTGCTGACGTCGTTCGTGATCTTCGTCGTGCTGGTGC
TGGTGTTCACGTGGCTGTCGAGCAGGCCGGGCAATGCGCCGGTGTACTACCCGAGCGTCCTGCTGC
GGGGGCTCGACCCGTGGGAGGGGCGGGGGCGGGGGACGAGGAGCCCCGTCGGGTGGCTGCGCCAGG

FIGURA 24 cont.

CGATCTCCGCCTCGGAGGGTGACGTCGTCGCCGTCGGCGGGGTCGACGCCGCCGTCTACCTCGTCT
TCCTCTCCTCCGTGTTGTCCATCTTGGTGTTCTCTGGGATTGTGCTGCTTCCAGTTCTGCTACCTG
TTGCTGCTACTGACGATAACCTGAACCTGGAGAGGGCCATTGGCCTGAAGAACGGCAAAACACCCC
AGAACTTCACAGAGCTCGAGAAATTAGCACTGGGCAATGTTCAAGAACATAGCCGAAGGCTGTGGG
CATTTCTATTATCAGTCTATTGGGTCTCTTTTGTCACGTACTTCGTACTATGGAAGTCCTACAAGC
ATGTTTCTAATATGAGAGCGGCTGCAAGATCAACACCAGATGTTAAACCGGAGGAGTTTGCTGTGT
TGGTGAGAGATGTTCCTAAGCCACCTCCTGATCAAACTATAAAGGATTCTGTAGACTCATATTTCC
GAGCACTTCATCCTGATACCTTCTACAGATCAATGGTTGTGACTGACCACACAAAGGCTGACAAAA
TTTATCAAGAGATTGAAGGTCACAAACAGAAAATTGCTCGTGCTGAAGTTGTCTATGCGGAGTCTA
AAACAACAGGCAAGCCTGAGGGCACCAAGCCTACGCATCGGATTGGATTTCTTGGTCTTATCGGTA
AAAAGGTTGATACAATTGAGTATTGTAATGACCAAATCAAGGAGTTGCTGCCCAAACTGGAGGCCG
AACAGAAGACTACCCTTCGTGAGAAACAGCAACAGGCTGCAATTGTGTTTTTCAACAGAAGATCTG
CTGCAGCTTCTGCATCTCAGACTCTCCATGCTCAGATGTTTGATAAATGGACTGTTGAGCAGGCTC
CTGAACCACGCCAGATAATATGGTCTAATCCTTCCAAGAAAATATATGAGAGGCAAATCAGACAGG
TTGTGGTCTATACCATTGTCTTTCTCACAGTGGTTTTCTATATGATTCCTATTACTGCTATCTCTG
CTCTTACAACTTTGGAGAAGTTGAGGGAGAAGCTTCCCTTTCTGAAGGTGGTGGTGGACCAACCGA
AAATCAAGACTGTCCTACAGGCTTACCTCCCGTAG

FIGURA 24 cont.

RESUMO

"MÉTODO PARA AUMENTAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS COM O RENDIMENTO EM PLANTAS EM RELAÇÃO ÀS PLANTAS DE CONTROLE, PLANTAS, PARTES DAS MESMAS, OU CÉLULAS DE PLANTA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS, PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS, PRODUTOS, E, USO DE UMA SEQUÊNCIA DE ÁCIDO NUCLEICO"

A presente invenção diz respeito no geral ao campo da biologia molecular e envolve um método para aumentar várias características relacionadas com o rendimento de planta pelo aumento da expressão em uma planta de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP. A presente invenção também envolve plantas tendo expressão aumentada de uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo selecionado do grupo que consiste de: polipeptídeo GRF, polipeptídeo equivalente a RAA1, polipeptídeo SYR, polipeptídeo ARKL, e polipeptídeo YTP, plantas estas que têm características relacionadas com o rendimento aumentado em relação às plantas de controle. A invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.