República Federativa do Brasil
Ministério do Desenvolvimento, Indústria e do Comércio Exterior
Instituto Nacional da Propriedade Industrial

(21) **PI0712507-0 A2**

BRPI0712507A2

(22) Data de Depósito: 15/06/2007
(43) Data da Publicação: 05/07/2011
(RPI 2113)

(51) Int.Cl.:
C12N 15/82 2006.01
C07K 14/415 2006.01
A01H 5/00 2006.01

(54) Título: **MÉTODO PARA INTENSIFICAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS AO RENDIMENTO EM PLANTAS, PLANTA OU PARTE DA MESMA, CONTRUÇÃO USO DE UMA CONSTRUÇÃO PLANTA, PARTE DE PLANTA OU CÉLULA VEGETAL, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE UMA PLANTA TRANSGÊNCIA, PARTES COLHÍVEIS DE UM PLANTA, PRODUTOS, USO DE UM ÁCIDO NUCLEICO, MOLÉCULA ISOLADA DE ÁCIDO NUCLEICO, E, POLIPEPTÍDEO ISOLADO**

(30) Prioridade Unionista: 15/06/2006 EP 06447081.8, 15/06/2006 EP 06447082.6, 19/01/2007 EP 07100862.7, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 15/06/2006 EP 06447081.8, 15/06/2006 EP 06447082.6, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891047, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891047, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 15/06/2006 EP 06447081.8, 15/06/2006 EP 06447082.6, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 19/01/2007 EP 07100862.7, 31/01/2007 EP 07101535.8, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047, 15/06/2006 EP 06447081.8, 15/06/2006 EP 06447082.6, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 26/06/2006 US 60/816444, 22/02/2007 US 60/891045, 19/01/2007 EP 07100862.7, 31/01/2007 EP 07101534.1, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 15/06/2006 EP 06447081.8, 19/01/2007 EP 07100862.7, 31/01/2007 EP 07101534.1, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 22/02/2007 US 60/891047, 31/01/2007 EP 07101535.8, 26/06/2006 US 60/816444, 26/06/2006 US 60/816447, 15/02/2007 US 60/889957, 22/02/2007 US 60/891045, 31/01/2007 EP 07101534.1, 22/02/2007 US 60/891045, 22/02/2007 US 60/891047

(73) Titular(es): Crop Functional Genomics Center, Cropdesign N.V.

(72) Inventor(es): Baek Hie Nahm, Chang Deok Han, Jin Seo Jeong, Ju-Kon Kim, Pil Joong Chung, Se Jun Oh , Sung Han Park , Yang Do Choi

(74) Procurador(es): Momsen, Leonardos & CIA.

(86) Pedido Internacional: PCT EP2007005292 de 15/06/2007

(87) Publicação Internacional: WO 2007/144190de 21/12/2007

(57) Resumo: MÉTODO PARA INTENSIFICAR CARACTERISTICAS RELACIONADAS AO RENDIMENTO EM PLANTAS, PLANTA OU PARTE DA MESMA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, PLANTA, PARTE DE PLANTA OU CÉLULA VEGETAL, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE UMA PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS DE UMA PLANTA, PRODUTOS, USO DE UM ÁCIDO NUCLEICO, MOLÉCULA ISOLADA DE ÁCIDO NUCLEÍCO, E, POLIPEPTIDEO ISOLADO. A presente invenção se relaciona a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão de um tipo particular de fator de transcrição NAC em plantas. O tipo particular de fator de transcrição NAC é um tendo uma seqüência de aminoácidos, que quando usada na construção. de uma árvore filogenética de NAC, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ JD NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC. A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um tal fator de transcrição NAC, cujas plantas têm rendimento melhorado em relação a plantas de controle. A presente invenção se relaciona adicionalmente a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2. A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento intensificadas em relação a plantas de controle. A presente invenção se relaciona adicionalmente a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptideo tipo APETELA2-70 (tipo AP2-70). A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento intensificadas em relação a plantas de controle. A invenção também fornece ácidos nucléicos codificando NAC, AP2-2 e tipo AP2-70 até agora desconhecidos, e construções compreendendo os mesmos, úteis para realizar os métodos da invenção. A invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.

0200301543 19
15/12/2003
PI-0315259-0

"MÉTODO PARA INTENSIFICAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS AO RENDIMENTO EM PLANTAS, PLANTA OU PARTE DA MESMA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, PLANTA, PARTE DE PLANTA OU CÉLULA VEGETAL, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE UMA PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS DE UMA PLANTA, PRODUTOS, USO DE UM ÁCIDO NUCLEICO, MOLÉCULA ISOLADA DE ÁCIDO NUCLEICO, E, POLIPEPTÍDEO ISOLADO"

A presente invenção geralmente se relaciona ao campo de biologia molecular e se relaciona a um método para melhorar várias características relacionadas a rendimento economicamente importantes em plantas. Mais especificamente, a presente invenção se relaciona a métodos para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um tipo particular de fator de transcrição NAC. A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle.

Em adição, a presente invenção se relaciona a um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo Apetala 2-2 (AP2-2). A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle. A presente invenção também se relaciona a um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo APETALA2-70 (tipo AP2-70). A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada

de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle. A invenção também fornece ácidos nucleicos codificando tipo AP2-70 até agora desconhecidos, e construções compreendendo os mesmos, úteis para realizar os métodos da invenção.

A invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.

A sempre crescente população mundial e a oferta minguante de terra arável disponível para agricultura impulsionam pesquisa para aumentar a eficiência de agricultura. Meios convencionais para melhoramentos culturais e horticulturais utilizam técnicas de melhoramento seletivo para identificar plantas tendo características desejáveis. Entretanto, tais técnicas de melhoramento seletivo têm diversas desvantagens, quer dizer que estas técnicas são tipicamente de trabalho intensivo e resultam em plantas que freqüentemente contêm componentes genéticos heterogêneos que podem nem sempre resultar na característica desejável sendo passada adiante a partir de plantas parentais. Avanços em biologia molecular permitiram ao ser humano modificar o germoplasma de animais e plantas. Engenharia genética de plantas exige o isolamento e manipulação de material genético (tipicamente na forma de DNA ou RNA) e a subseqüente introdução de tal material genético em uma planta. Tal tecnologia tem a capacidade de gerar culturas ou plantas tendo várias características econômicas, agronômicas ou horticulturais melhoradas.

Uma característica de particular interesse econômico é rendimento aumentado. Rendimento normalmente é definido como o rendimento mensurável de valor econômico de uma cultura. Isto pode ser definido em termos de quantidade e/ou qualidade. Rendimento é diretamente dependente de diversos fatores, por exemplo, o número e tamanho dos órgãos, arquitetura vegetal (por exemplo, o número de galhos), rendimento de

sementes, senescência foliar e mais. Desenvolvimento de raiz, absorção de nutrientes, tolerância a estresse e vigor precoce também podem ser fatores importantes para determinar rendimento. Otimizar os fatores mencionados acima pode portanto contribuir para aumentar rendimento de cultura.

Rendimento de sementes é uma característica particularmente importante, uma vez que as sementes de muitas plantas são importantes para nutrição humana e animal. Culturas tal como, milho, arroz, trigo, canola e soja respondem por mais da metade do consumo calórico humano total, quer através de consumo direto das próprias sementes ou através de consumo de produtos de carne criados com sementes processadas. Elas também são uma fonte de açúcares, óleos e muitos tipos de metabólitos usados em processos industriais. Sementes contêm um embrião (a fonte de novas partes aéreas e raízes) e um endosperma (a fonte de nutrientes para crescimento de embrião durante germinação e durante crescimento inicial de plântulas). O desenvolvimento de uma semente envolve muitos genes, e requer a transferência de metabólitos das raízes, folhas e caules para a semente em desenvolvimento. O endosperma, em particular, assimila os precursores metabólicos de carboidratos, óleos e proteínas e sintetiza estes em macromoléculas de armazenamento para preencher o grão.

Uma característica adicional de importância econômica para muitas culturas é vigor precoce. Melhorar vigor precoce é um importante objetivo de programas modernos de melhoramento de arroz tanto em cultivares de arroz temperadas como tropicais. Raízes longas são importantes para ancoramento apropriado ao solo em arroz semeado em água. Onde arroz é semeado diretamente em campos alagados, e onde plantas devem emergir rapidamente através de água, partes aéreas maiores estão associadas com vigor. Onde sementeira em sulcos é praticada, mesocótilos e coleóptilos maiores são importantes para boa emergência de plântula. Vigor precoce também pode resultar de aptidão vegetal aumentada devido a, por exemplo, as

plantas serem mais bem adaptadas ao seu ambiente (i.e. sendo mais capazes de lidar com vários fatores de estresse abiótico ou biótico). Plantas tendo vigor precoce também mostram melhor estabelecimento da cultura (com a cultura crescendo de uma maneira mais uniforme, i.e. com a maioria das plantas atingindo os vários estágios de desenvolvimento substancialmente ao mesmo tempo), e mostram melhor crescimento e freqüentemente melhor rendimento.

Uma característica importante adicional é tolerância melhorada a estresse abiótico. Estresse abiótico é uma causa primária de perda de cultura ao redor do mundo, reduzindo rendimentos médios para a maioria das principais cultivares em mais do que 50% (Wang *et al.*, Planta (2003) 218: 1-14). Estresses abióticos podem ser causados por seca, salinidade, extremos de temperatura, toxicidade química e estresse oxidativo. A capacidade de melhorar tolerância vegetal a estresse abiótico seria de grande vantagem econômica para fazendeiros ao redor do mundo e iria permitir o cultivo de culturas durante condições adversas e em territórios onde cultivo de culturas pode não ser possível de outra maneira.

A capacidade de manipular tolerância a estresse abiótico ou vigor precoce em plantas seria de grande importância em agricultura, como seria a capacidade de aumentar rendimento de sementes de planta, quer através de número de sementes, biomassa de sementes, desenvolvimento de sementes, enchimento de sementes, ou qualquer outra característica de semente. Além das muitas aplicações em agricultura incluindo na produção de plantas ornamentais, arboricultura, horticultura e silvicultura, aumentar rendimento também teria muitos usos não agrícolas, tal como na produção de algas para uso em biorreatores (para a produção biotecnológica de substâncias tal como produtos farmacêuticos, anticorpos ou vacinas ou para a bioconversão de resíduo orgânico) e outras tais áreas.

Fatores de transcrição normalmente são definidos como

proteínas que mostram ligação de DNA seqüência específica e que são capazes de ativar e/ou reprimir transcrição. O genoma de *Arabidopsis* codifica para pelo menos 1533 reguladores transcricionais, que respondem por ~5,9% de seu número total estimado de genes. Cerca de 45% destes fatores de transcrição são relatados como sendo de famílias específicas para plantas (Riechmann *et al.*, 2000 (Science Vol. 290, 2105-2109)).

A presente invenção se relaciona ao uso de um tipo particular de fator de transcrição NAC para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas.

NAC é um acrônimo derivado dos nomes dos três genes primeiro descritos como contendo um domínio NAC, em outras palavras *NAM* (*nenhum meristema apical*), *ATAF1,2* e *CUC2* (*cotilédone em forma de taça*). Proteínas NAC parecem ser comuns em plantas, com o genoma de *Arabidopsis thaliana* contendo de forma estimada pelo menos uma centena de genes codificando NAC, mas sem quaisquer exemplos tendo sido encontrados até o momento em outros eucariotos (Riechmann *et al.*, 2000).

A família de proteína NAC compreende uma variedade de proteínas vegetais que são identificáveis pela presença de um domínio NAC N-terminal altamente conservado, acompanhado por diversos domínios C-terminais. A capacidade de ligação de DNA de proteínas NAC geralmente é localizada ao domínio NAC, com as regiões C-terminais constituindo domínios de ativação transcricional. Diversos genes de NAC foram encontrados como sendo induzíveis por hormônio. Domínios NAC também foram implicados em interações com outras proteínas, tal como proteínas virais e proteínas de dedo RING. Proteínas NAC também foram implicadas em controle transcricional em uma variedade de processos vegetais, incluindo no desenvolvimento do meristema apical de parte aérea e órgãos florais, e na formação de raízes laterais. Proteínas NAC também foram implicadas em respostas a estresse e infecções virais, Ernst *et al.*, 2004 (EMBO Reports 5, 3,

297-303).

Patente Norte-Americana 6.844.486 descreve um membro da família de NAC, NACI, isolado de *Arabidopsis thaliana*. NACl foi relatado como estando envolvido na regulação de desenvolvimento de cotilédone e raiz lateral. Foi relatado que superexpressão do gene nacI gera plantas superiores com raízes maiores e mais raízes laterais do que plantas tipo selvagem.

Surpreendentemente, foi descoberto agora que modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um tipo particular de fator de transcrição NAC gera plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle. A classe particular de fator de transcrição NAC adequada para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas é descrita em detalhe abaixo.

A presente invenção fornece um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um tipo particular de fator de transcrição NAC.

Em adição, a presente invenção se relaciona ao uso de um fator de transcrição tipo Apetala, AP2-2, para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas.

AP2 (APETALA2) e EREBPs (proteínas de ligação de elemento responsivo a etileno, ou ERF, fatores de resposta a etileno) são os membros prototípicos de uma família de fatores de transcrição exclusiva de plantas, cuja característica diferenciada é que eles contêm o assim chamado domínio de ligação de DNA AP2. Genes de AP2/EREBP formam uma grande família de multigenes (a superfamília AP2/ERF), e elas desempenham uma variedade de papéis ao longo do ciclo de vida da planta: desde serem reguladores chave de diversos processos de desenvolvimento, como determinação de identidade de órgão floral ou controle de identidade de célula

epidérmica foliar, até fazendo parte dos mecanismos usados por plantas para responder a vários tipos de estresse biótico e ambiental. Dentro da superfamília AP2/ERF, 3 grandes famílias são discriminadas: a família AP2 com dois domínios AP2/ERF, a família ERF com um único domínio AP2/ERF e a família RAV compreendendo um domínio de ligação de DNA tipo B3. Nakano et al. (Plant Physiology 140, 411-432, 2006) estudaram a família de gene *ERF* em *Arabidopsis* e arroz, e dividiram a família de gene *ERF* de *Arabidopsis* em 12 grupos (designados Grupo I a X, e um tipo Grupo VI e tipo Grupo Xb), ao passo que no caso de arroz 15 grupos foram discriminados. As proteínas de Grupo VII de *Arabidopsis* são caracterizadas por um motivo N-terminal conservado, referido como Motivo VII-1 Conservado (CMVII-1). Em arroz, Grupo VII compreende mais proteínas do que o Grupo VII de *Arabidopsis*, e embora muitos motivos conservados sejam comuns entre o Grupo VII de arroz e *Arabidopsis*, um Grupo VIIb de arroz separado foi criado para uma seqüência carecendo deste motivo CMVII-1 típico. Funcionalmente, membros de Grupo VII são descritos como estando envolvidos em estresse osmótico e resposta a doença (por exemplo em Patente Internacional 2003007699). Superexpressão ectópica de JERF3 de tomate em tabaco aumentou a tolerância a sal dos transgênicos (Wang et al., Plant Molecular Biology 58, 183-192, 2004), e Superexpressão em pimenta de fator de transcrição CaPF1 resultou em tolerância osmótica aumentada em pinheiro (Tang et al, Plant Cell Rep. 26, 115-124, 2007), mas também resistência aumentada a patógeno em *Arabidopsis* (Yi et al., Plant Physiol. 136, 2862-2874, 2004). Uma observação similar foi feita para HvRAF de cevada (Jung et al., Planta Epub 26 August 2006). Além disso, uma proteína ERF tipo Grupo VII foi usada em um processo para a produção de Metionina (Patente Européia 2005003297).

Surpreendentemente, foi descoberto agora que modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando uma proteína

ERF de Grupo VII (daqui por diante chamada polipeptídeo AP2-2) gera plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle. Estas características relacionadas a rendimento melhoradas não foram o resultado de resistência aumentada a estresse.

A família ERF (Fator de Resposta a Etileno) é uma grande família gênica de fatores de transcrição e é parte da superfamília AP2/ERF, que também contém as famílias AP2 e RAV. A superfamília AP2/ERF é definida pelo domínio AP2/ERF, que consiste de cerca de 60 a 70 aminoácidos e está envolvido em ligação de DNA. Estas três famílias foram definidas como segue. A família AP2 de proteínas contém dois domínios AP2/ERF repetidos, a família ERF de proteínas contém um único domínio AP2/ERF, e as proteínas de família RAV contêm um domínio B3, que é um domínio de ligação de DNA conservado em outros fatores de transcrição específicos de plantas, incluindo VP1/ABI3, em adição ao único domínio AP2/ERF. A família ERF é algumas vezes adicionalmente dividida em duas subfamílias principais, a subfamília ERF e a subfamília CBF/DREB. 147 genes foram identificados na superfamília AP2/ERF no genoma de Arabidopsis, incluindo 122 genes na família ERF. O domínio AP2 foi primeiro identificado como um motivo repetido dentro da proteína AP2 de Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), que está envolvida em desenvolvimento de flor. Nakano *et al.*, 2006 (Plant Physiol. Vol. 140, pp.411-432).

Nakano *et al.*, 2006 relatam adicionalmente que genes na família AP2 demonstraram participar na regulação de processos de desenvolvimento, e.g. desenvolvimento de flor, determinismo de meristema de espigueta, identidade de célula epidérmica foliar, e desenvolvimento de embrião. Diversas proteínas na família ERF foram identificadas e implicadas em muitas funções diversas em processos celulares, tal como transdução de sinal hormonal, resposta a estresses bióticos e abióticos, e regulação de metabolismo, e em processos de desenvolvimento em várias espécies

vegetais.

Surpreendentemente, foi descoberto agora que modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 gera plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle.

Polipeptídeos tipo AP2-70 descritos neste lugar como sendo úteis para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas são classificados em Grupo Ib (A-6) de acordo com o sistema de classificação de Nakano *et al.*, 2006. Nakano relata que DBF1 de milho (Zea mays) – um membro de Grupo Ib – demonstrou ativar a transcrição dependente de elemento responsivo a seca 2 (DRE2) de *rab17* responsivo a ABA em calo de milho transientemente transformado. Em outro membro de Grupo Ib, WXP1 de *Medicago truncatula*, Superexpressão do mesmo foi relatada ativando produção de cera de alfafa transgênica (Medicago sativa).

Definições

Polipeptídeo(s)/Proteína(s)

Os termos "polipeptídeo" e "proteína" são usados permutavelmente neste lugar e se referem a aminoácidos em uma forma polimérica de qualquer comprimento, ligados juntos por ligações peptídicas.

Polinucleotídeo(s)/Ácido(s) nucleico(s)/ seqüência(s) de ácidos nucleicos/seqüência(s) de nucleotídeos

Os termos "polinucleotídeo(s)", "seqüência(s) de ácidos nucleicos", "seqüência(s) de nucleotídeos", "ácido(s) nucleico(s)", "molécula de ácido nucleico" são usados permutavelmente neste lugar e se referem a nucleotídeos, ou ribonucleotídeos ou desoxirribonucleotídeos ou uma combinação de ambos, em uma forma polimérica não ramificada de qualquer comprimento.

Planta(s) de controle

A escolha de plantas de controle adequadas é uma parte de

rotina de uma estrutura experimental e pode incluir plantas tipo selvagem correspondentes ou plantas correspondentes sem o gene de interesse. A planta de controle é tipicamente da mesma espécie de planta ou mesmo a mesma variedade do que a planta a ser verificada. A planta de controle também pode ser um nulizigoto da planta a ser verificada. Nulizigotos são indivíduos carecendo do transgene por segregação. Uma "planta de controle" como usado neste lugar se refere não apenas a plantas inteiras, mas também a partes vegetais, incluindo sementes e partes de sementes.

Homólogo(s)

"Homólogos" de uma proteína abrangem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos, proteínas e enzimas tendo substituições, deleções e/ou inserções de aminoácidos em relação à proteína não modificada em questão e tendo atividade biológica e funcional similar à proteína não modificada da qual eles são derivados.

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

Uma inserção se refere a um ou mais resíduos de aminoácidos sendo introduzidos em um sítio pré-determinado em uma proteína. Inserções podem compreender fusões N-terminais e/ou C-terminais assim como inserções intra-seqüência de aminoácidos únicos ou múltiplos. Geralmente, inserções dentro da seqüência de aminoácidos serão menores do que fusões N- ou C-terminais, da ordem de cerca de 1 a 10 resíduos. Exemplos de proteínas ou peptídeos de fusão N- ou C-terminais incluem o domínio de ligação ou domínio de ativação de um ativador transcricional como usado no sistema de dois híbridos de levedura, proteínas de revestimento de fago, etiqueta de (histidina)-6, etiqueta de glutationa S-transferase, proteína A, proteína de ligação de maltose, dihidrofolato redutase, epítopo Etiqueta·100, epítopo c-myc, epítopo FLAG®, lacZ, CMP (peptídeo de ligação calmodulina), epítopo HA, epítopo de proteína C e epítopo VSV.

Uma substituição se refere à substituição de aminoácidos da proteína por outros aminoácidos tendo propriedades similares (tal como hidrofobicidade, hidrofilicidade, antigenicidade, propensão para formar ou quebrar estruturas α-helicoidais ou estruturas de folha β similares). Substituições de aminoácidos tipicamente são de resíduos únicos, mas podem ser agrupadas dependendo de restrições funcionais colocadas no polipeptídeo; inserções normalmente serão da ordem de cerca de 1 a 10 resíduos de aminoácidos. As substituições de aminoácidos são preferivelmente as substituições de aminoácidos conservativas. Tabelas de Substituição Conservativa são bem conhecidas na arte (veja, por exemplo, Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company e Tabela 1 abaixo).

Tabela 1: Exemplos de substituições conservadas de aminoácidos

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		

Substituições, deleções e/ou inserções de aminoácidos podem ser prontamente feitas usando técnicas de peptídeo sintético bem conhecidas na arte, tal como síntese de peptídeo em fase sólida e os semelhantes, ou por manipulação de DNA recombinante. Métodos para a manipulação de seqüências de DNA para produzir variantes de substituição, inserção ou deleção de uma proteína são bem conhecidos na arte. Por exemplo, técnicas para fazer mutações por substituição em sítios pré-determinados em DNA são bem conhecidas por aqueles versados na arte e incluem mutagênese M13, mutagênese in vitro T7-Gen (USB, Cleveland, OH), mutagênese sítio dirigida QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagênese sítio dirigida mediada por PCR ou outros protocolos de mutagênese sítio dirigida.

Derivados

"Derivados" incluem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos que podem, comparados com a seqüência de aminoácidos da forma naturalmente ocorrente da proteína, tal como a proteína de interesse, compreender substituições de aminoácidos com resíduos de aminoácidos não naturalmente ocorrentes, ou adições de resíduos de aminoácidos não naturalmente ocorrentes. "Derivados" de uma proteína também abrangem peptídeos, oligopeptídeos, polipeptídeos que compreendem resíduos de aminoácidos naturalmente ocorrentes alterados (glicosilados, acilados, prenilados, fosforilados, miristoilados, sulfatados etc.) ou resíduos de aminoácidos não naturalmente alterados comparados com a seqüência de aminoácidos de uma forma naturalmente ocorrente do polipeptídeo. Um derivado também pode compreender um ou mais substituintes ou adições de não aminoácidos comparado com a seqüência de aminoácidos da qual ele é derivado, por exemplo uma molécula repórter ou outro ligante, covalentemente ou não covalentemente ligado à seqüência de aminoácidos, tal como uma molécula repórter que é ligada para facilitar sua detecção, e resíduos de aminoácidos não naturalmente ocorrentes em relação à seqüência de aminoácidos de uma proteína naturalmente ocorrente. Além disso, "derivados" também incluem fusões da forma naturalmente ocorrente da proteína com peptídeos de ligação tal como FLAG, HIS6 ou tiorredoxina (para uma revisão de peptídeos de ligação, veja Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

Ortólogo(s)/Parálogo(s)

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

Domínio

O termo "domínio" se refere a um conjunto de aminoácidos conservados em posições específicas ao longo de um alinhamento de seqüências de proteínas evolutivamente relacionadas. Enquanto que aminoácidos em outras posições podem variar entre homólogos, aminoácidos que são altamente conservados em posições específicas indicam aminoácidos que provavelmente são essenciais na estrutura, estabilidade ou função de uma proteína. Identificados por seu alto grau de conservação em seqüências alinhadas de uma família de homólogos de proteína, eles podem ser usados como identificadores para determinar se qualquer polipeptídeo em questão pertence a uma família de polipeptídeo previamente identificada.

Motivo/Seqüência consenso/Assinatura

O termo "motivo" ou "seqüência consenso" ou "assinatura" se refere a uma região conservada curta na seqüência de proteínas evolutivamente relacionadas. Motivos freqüentemente são partes altamente conservadas de domínios, mas também podem incluir apenas parte do domínio, ou estarem localizados fora de domínio conservado (se todos os aminoácidos do motivo caem fora de um domínio definido).

Hibridização

O termo "hibridização" como definido neste lugar é um processo caracterizado pelo fato de que seqüências de nucleotídeos complementares substancialmente homólogas se anelam uma a outra. O processo de hibridização pode ocorrer inteiramente em solução, i.e. ambos ácidos nucleicos complementares estão em solução. O processo de hibridização também pode ocorrer com um dos ácidos nucleicos complementares imobilizado a uma matriz tal como microesferas magnéticas, microesferas de Sepharose ou qualquer outra resina. O processo de hibridização além disso pode ocorrer com um dos ácidos nucleicos complementares imobilizado a um suporte sólido tal como uma membrana de

nitrocelulose ou de náilon ou imobilizado por e.g. fotolitografia a, por exemplo, um suporte de vidro silicioso (o último conhecido como arranjos ou microarranjos de ácido nucleico ou como circuitos integrados de ácido nucleico). A fim de permitir que hibridização ocorra, as moléculas de ácidos nucleicos geralmente são termicamente ou quimicamente desnaturadas para derreter uma dupla fita em duas fitas simples e/ou para remover estruturas em grampo ou outras estruturas secundárias de ácidos nucleicos de fita simples.

O termo "estringência" se refere às condições nas quais uma hibridização pode ocorrer. A estringência de hibridização é influenciada por condições tal como temperatura, concentração salina, força iônica e composição de tampão de hibridização. Geralmente, condições de baixa estringência são selecionadas para ser cerca de 30°C menores do que o ponto de fusão térmica (T_m) para a seqüência específica em uma força iônica e pH definidos. Condições de média estringência são quando a temperatura é 20°C abaixo de T_m, e condições de alta estringência são quando a temperatura é 10°C abaixo de T_m. Condições de hibridização de alta estringência tipicamente são usadas para isolar seqüências hibridizantes que têm alta similaridade de seqüência com a seqüência de ácidos nucleicos alvo. Entretanto, ácidos nucleicos podem desviar em seqüência e ainda codificar um polipeptídeo substancialmente idêntico, devido à degenerescência do código genético. Portanto condições de hibridização de média estringência podem ser algumas vezes necessárias para identificar tais moléculas de ácidos nucleicos.

A T_m é a temperatura em força iônica e pH definidos, na qual 50% da seqüência alvo hibridiza com uma sonda perfeitamente compatível. A T_m é dependente das condições de solução e da composição de base e comprimento da sonda. Por exemplo, seqüências maiores hibridizam especificamente em temperaturas superiores. A taxa máxima de hibridização é obtida a partir de cerca de 16°C até 32°C abaixo de T_m. A presença de cátions

monovalentes na solução de hibridização reduz a repulsão eletrostática entre as duas fitas de ácidos nucleicos com isso promovendo formação de híbrido; este efeito é visível para concentrações de sódio de até 0,4M (para concentrações maiores, este efeito pode ser ignorado). Formamida reduz a temperatura de fusão de duplexes DNA-DNA e DNA-RNA com 0,6 a 0,7°C para cada formamida percentual, e adição de 50% de formamida permite que hibridização seja realizada a 30 a 45°C, embora a taxa de hibridização seja diminuída. Pareamento incorreto de bases reduz a taxa de hibridização e a estabilidade térmica dos duplexes. Em média e para sondas grandes, a T_m diminui cerca de 1°C por% de pareamento incorreto de bases. A T_m pode ser calculada usando as seguintes equações, dependendo dos tipos de híbridos:

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

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

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 20–35 nucleotídeos: $T_m = 22 + 1,46\ (l_n)$

[a] ou para outro cátion monovalente, mas apenas acurado no intervalo 0,01–0,4 M.

[b] apenas acurado para%GC no intervalo de 30% a 75%.

[c] L = comprimento de duplex em pares de bases.

[d] Oligo, oligonucleotídeo; l_n, comprimento efetivo de iniciador = 2×(no. de G/C)+(no. de A/T).

Ligação não específica pode ser controlada usando qualquer uma das diversas técnicas conhecidas tal como, por exemplo, bloqueando a

membrana com soluções contendo proteína, adições de RNA, DNA, e SDS heterólogo ao tampão de hibridização, e tratamento com Rnase. Para sondas não homólogas, uma série de hibridizações podem ser realizadas variando um de (i) diminuindo progressivamente a temperatura de anelamento (por exemplo de 68°C para 42°C) ou (ii) diminuindo progressivamente a concentração de formamida (por exemplo de 50% para 0%). O artesão versado está ciente de vários parâmetros que podem ser alterados durante hibridização e que irão ou manter ou mudar as condições de estringência.

Além das condições de hibridização, especificidade de hibridização tipicamente também depende da função de lavagens pós hibridização. Para remover antecedentes resultando de hibridização não específica, amostras são lavadas com soluções salinas diluídas. Fatores críticos de tais lavagens incluem a força iônica e temperatura da solução de lavagem final: quanto menor a concentração salina e maior a temperatura de lavagem, maior é a estringência da lavagem. Condições de lavagem são tipicamente realizadas em ou abaixo de estringência de hibridização. Uma hibridização positiva gera um sinal que é pelo menos duas vezes aquele do antecedente. Geralmente, condições estringentes adequadas para ensaios de hibridização de ácidos nucleicos ou procedimentos de detecção de amplificação de gene são como expostos acima. Condições mais ou menos estringentes também podem ser selecionadas. O artesão versado está ciente de vários parâmetros que podem ser alterados durante lavagem e que irão ou manter ou mudar as condições de estringência.

Por exemplo, condições de hibridização de alta estringência típicas para híbridos de DNA maiores do que 50 nucleotídeos abrangem hibridização a 65°C em 1x SSC ou a 42°C em 1x SSC e 50% formamida, seguido por lavagem a 65°C em 0.3x SSC. Exemplos de condições de hibridização de média estringência para híbridos de DNA maiores do que 50 nucleotídeos abrangem hibridização a 50°C em 4x SSC ou a 40°C em 6x SSC

e 50% formamida, seguido por lavagem a 50°C em 2x SSC. O comprimento do híbrido é o comprimento antecipado para o ácido nucleico hibridizante. Quando ácidos nucleicos de seqüência conhecida são hibridizados, o comprimento de híbrido pode ser determinado alinhando as seqüências e identificando as regiões conservadas descritas neste lugar. 1×SSC é 0,15M de NaCl e 15mM de citrato de sódio; a solução de hibridização e soluções de lavagem podem incluir adicionalmente 5 × de reagente de Denhardt, 0,5-1,0% de SDS, 100 μg/ml de DNA de esperma de salmão fragmentado desnaturado, 0,5% de pirofosfato de sódio.

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

Variante de união

O termo "variante de união" como usado neste lugar abrange variantes de uma seqüência de ácidos nucleicos nas quais íntrons e/ou éxons selecionados foram cortados, substituídos, deslocados ou adicionados, ou nas quais íntrons foram encurtados ou alongados. Tais variantes serão umas nas quais a atividade biológica da proteína é substancialmente mantida; isto pode ser atingido mantendo seletivamente segmentos funcionais da proteína. Tais variantes de união podem ser encontradas na natureza ou podem ser feitas pelo homem. Métodos para prever e isolar tais variantes de união são bem conhecidos na arte (veja por exemplo Foissac and Schiex, BMC Bioinformatics. 2005; 6: 25).

Variante alélica

Alelos ou variantes alélicas são formas alternativas de um dado gene, localizado na mesma posição cromossômica. Variantes alélicas abrangem Polimorfismos de Nucleotídeos Únicos (SNPs), assim como

Polimorfismos de Pequena Inserção/Deleção (INDELs). O tamanho de INDELs normalmente é menor do que 100 bp. SNPs e INDELs formam o maior conjunto de variantes de seqüência em linhagens polimórficas naturalmente ocorrentes da maioria dos organismos.

Embaralhamento gênico/Evolução dirigida

Embaralhamento gênico ou evolução dirigida consiste de repetições de embaralhamento de DNA seguido por triagem e/ou seleção apropriada para gerar variantes de ácidos nucleicos ou porções destes codificando proteínas tendo uma atividade biológica modificada (Castle et al., (2004) Science 304(5674): 1151-4; Patentes Norte-Americanas 5.811.238 e 6.395.547).

Elemento regulador/Seqüência de controle/Promotor

Os termos "elemento regulador", "seqüência de controle" e "promotor" são todos usados permutavelmente neste lugar e devem ser adotados em um amplo contexto para se referir a seqüências reguladoras de ácidos nucleicos capazes de efetuar expressão das seqüências aos quais eles são ligados. O termo "promotor" tipicamente se refere a uma seqüência de controle de ácido nucleico localizada antes do início transcricional de um gene e que está envolvida em reconhecimento e ligação de RNA polimerase e outras proteínas, com isso dirige transcrição de um ácido nucleico operacionalmente ligado. Abrangidas pelos termos mencionados acima são seqüências reguladoras transcricionais derivadas de um gene genômico eucariótico clássico (incluindo a caixa TATA que é requerida para iniciação acurada de transcrição, com ou sem uma seqüência de caixa CCAAT) e elementos reguladores adicionais (i.e. seqüências situadas acima dos promotores gênicos, acentuadores e silenciadores) que alteram expressão gênica em resposta a desenvolvimento e/ou estímulos externos, ou de uma maneira tecido específica. Também incluída dentro do termo é uma seqüência reguladora transcricional de um gene procariótico clássico, em cujo caso ela

pode incluir uma seqüência de caixa –35 e/ou seqüências reguladoras adicionais de caixa –10. O termo "elemento regulador" também abrange uma molécula de fusão sintética ou derivada que confere, ativa ou acentua expressão de uma molécula de ácido nucleico em uma célula, tecido ou órgão.

Um "promotor vegetal" compreende elementos reguladores, que mediam a expressão de um segmento de seqüência de codificação em células vegetais. Por conseguinte, um promotor vegetal não precisa ser de origem vegetal, mas pode se originar de vírus ou microorganismos, por exemplo de vírus que atacam células vegetais. O "promotor vegetal" também pode se originar de uma célula vegetal, e.g. da planta que é transformada com a seqüência de ácidos nucleicos a ser expressa no processo inventivo e descrito neste lugar. Isto também se aplica outros sinais reguladores "vegetais", tal como terminadores "vegetais". Os promotores antes das seqüências de nucleotídeos úteis nos métodos da presente invenção podem ser modificados por uma ou mais substituição(ões), inserção(ões) e/ou deleção(ões) de nucleotídeos sem interferir na funcionalidade ou atividade de qualquer dos promotores, o quadro aberto de leitura (ORF) ou a região reguladora 3' tal como terminadores ou outras regiões reguladoras 3' que estão localizadas fora do ORF. Além disso é possível que a atividade dos promotores seja aumentada por modificação de sua seqüência, ou que eles sejam completamente substituídos por promotores mais ativos, mesmo promotores de organismos heterólogos. Para expressão em plantas, a molécula de ácido nucleico deve, como descrito acima, ser operacionalmente ligada a ou compreender um promotor adequado que expressa o gene no momento certo e com o padrão de expressão espacial requerido.

Para a identificação de promotores funcionalmente equivalentes, a força de promotor e/ou padrão de expressão de um promotor candidato pode ser analisado por exemplo ligando operacionalmente o promotor a um gene repórter e ensaiando o nível e padrão de expressão do

gene repórter em vários tecidos da planta. Genes repórteres bem conhecidos adequados incluem por exemplo beta-glucuronidase ou beta galactosidase. A atividade de promotor é ensaiada medindo a atividade enzimática da beta-glucuronidase ou beta-galactosidase. A força de promotor e/ou padrão de expressão podem ser comparados com aqueles de um promotor de referência (tal como aquele usado nos métodos da presente invenção). Alternativamente, força de promotor pode ser ensaiada quantificando níveis de mRNA ou comparando níveis de mRNA do ácido nucleico usado nos métodos da presente invenção, com níveis de mRNA de genes responsáveis pela manutenção do metabolismo celular tal como 18S rRNA, usando métodos conhecidos na arte, tal como Northern blotting com análise densitométrica de autoradiogramas, PCR quantitativo em tempo real ou RT-PCR (Heid et al., 1996 Genome Methods 6: 986-994). Geralmente por "promotor" fraco é pretendido um promotor que dirige expressão de uma seqüência de codificação em um nível baixo. Por "nível baixo" é pretendido 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. Inversamente, um "promotor forte" dirige expressão de uma seqüência de codificação em nível alto, ou em cerca de 1/10 transcritos a cerca de 1/100 transcritos a cerca de 1/1.000 transcritos por célula.

Operacionalmente ligado

O termo "operacionalmente ligado" como usado neste lugar se refere a uma ligação funcional entre a seqüência de promotor e o gene de interesse, de forma que a seqüência de promotor é capaz de iniciar transcrição do gene de interesse.

Promotor constitutivo

Um "promotor constitutivo" se refere a um promotor que é transcricionalmente ativo durante a maioria, mas não necessariamente todas, fases de crescimento e desenvolvimento e na maioria das condições

ambientais, em pelo menos uma célula, tecido ou órgão. Tabela 2 abaixo fornece exemplos de promotores constitutivos.

Tabela 2a: Exemplos de promotores constitutivos

Fonte Gênica	Referência
Actina	McElroy et al, Plant Cell, 2: 163-171, 1990
HMGB	Patente Internacional 2004/070039
CAMV 35S	Odell et al, Nature, 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson et al., Physiol. Plant. 100:456-462, 1997
GOS2	de Pater et al, Plant J Nov;2(6):837-44, 1992, Patente Internacional 2004/065596
Ubiquitina	Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Ciclofilina de arroz	Buchholz et al, Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
H3 histona de milho	Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
H3 histona de alfafa	Wu et al. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Actina 2	An et al, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
34S FMV	Sanger et al., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
Subunidade pequena de rubisco	Patente Norte-Americana 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
Nos	Shaw et al. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831-7846
V-ATPase	Patente Internacional 01/14572
Super promotor	Patente Internacional 95/14098
Proteínas G-box	Patente Internacional 94/12015

Promotor ubíquo

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

Promotor regulado por desenvolvimento

Um promotor regulado por desenvolvimento é ativo durante certos estágios de desenvolvimento ou em partes da planta que passam por mudanças evolutivas.

Promotor induzível

Um promotor induzível tem início de transcrição induzido ou aumentado em resposta a um estímulo químico (para uma revisão veja Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108), ambiental ou físico, ou pode ser "induzível por estresse", i.e. ativado quando uma planta é

exposta a várias condições de estresse, ou um "induzível por patógeno" i.e. ativado quando uma planta é exposta à exposição a vários patógenos.

Promotor Órgão específico/Tecido específico

Um promotor órgão específico ou tecido específico é um que é capaz de preferencialmente iniciar transcrição em certos órgãos ou tecidos, tal 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 vegetais, substancialmente para a exclusão de quaisquer outra partes de uma planta, enquanto que ainda permitindo qualquer expressão evasiva nestas outras partes vegetais. Promotores capazes de iniciar transcrição em certas células apenas são referidos neste lugar como "célula específicos".

Exemplos de promotores raiz específicos são listados em Tabela 2b abaixo:

Tabela 2b: Exemplos de promotores raiz específicos

Fonte Gênica	Referência
RCc3	Plant Mol Biol. 1995 Jan;27(2):237-48
Transportador PHT1 de fosfato de Arabidopsis	Kovama et al., 2005
Transportador de fosfato de Medicago	Xiao et al., 2006
Pyk10 de Arabidopsis	Nitz et al. (2001) Plant Sci 161(2): 337-346

Um promotor semente específico é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido de semente, mas não necessariamente exclusivamente em tecido de semente (em casos de expressão evasiva). O promotor semente específico pode ser ativo durante desenvolvimento de semente e/ou durante germinação.

Um promotor de tecido verde específico como definido neste lugar é um promotor que é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido verde, substancialmente para a exclusão de quaisquer outras partes de uma planta, enquanto que ainda permitindo qualquer expressão evasiva nestas outras partes vegetais.

Exemplos de promotores tecido verde específicos que podem

ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados em Tabela 2c abaixo.

Tabela 2c: Exemplos de promotores tecido verde específicos

Gene	Expressão	Referência
Ortofosfato diquinase de milho	Folha específica	Fukavama et al., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilase de milho	Folha específica	Kausch et al., 2001
Fosfoenolpiruvato carboxilase de arroz	Folha específica	Liu et al., 2003
Rubisco de subunidade pequena de arroz	Folha específica	Nomura et al., 2000
beta expansina EXBP9 de arroz	Parte aérea específica	Patente Internacional 2004/070039
Rubisco de subunidade pequena de guandu	Folha específica	Panguluri et al., 2005
RBCS3A de ervilha	Folha específica	

Outro exemplo de um promotor de tecido específico é um promotor meristema específico, que é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido meristemático, substancialmente para a exclusão de quaisquer outras partes de uma planta, enquanto que ainda permitindo qualquer expressão evasiva nestas outras partes vegetais.

Terminador

O termo "terminador" abrange uma seqüência de controle que é uma seqüência de DNA na extremidade de uma unidade transcricional que sinaliza processamento 3' e poliadenilação de um transcrito primário e término 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 de nopalina sintase ou octopina sintase, ou alternativamente de outro gene vegetal, ou menos preferivelmente de qualquer outro gene eucariótico.

Modulação

O termo "modulação" significa em relação à expressão ou expressão gênica, um processo no qual o nível de expressão é mudado por expressão gênica em comparação com a planta de controle, preferivelmente o nível de expressão é aumentado. A expressão original não modulada pode ser de qualquer tipo de expressão de um RNA estrutural (rRNA, tRNA) ou

mRNA com subseqüente tradução. O termo "modular a atividade" deve significar qualquer mudança da expressão das seqüências de ácidos nucleicos inventivas ou proteínas codificadas, que leva a rendimento aumentado e/ou crescimento aumentado das plantas.

Expressão

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

Expressão aumentada/superexpressão

O termo "expressão aumentada" ou "superexpressão" como usado neste lugar significa qualquer forma de expressão que é adicional ao nível de expressão original de tipo selvagem.

Métodos para aumentar expressão de genes ou produtos de gene são bem documentados na arte e incluem, por exemplo, superexpressão dirigida por promotores apropriados, o uso de acentuadores de transcrição ou acentuadores de tradução. Ácidos nucleicos isolados que servem como elementos promotores ou acentuadores podem ser introduzidos em uma posição apropriada (tipicamente antes) de uma forma não heteróloga de um polinucleotídeo de forma a aumentar expressão de um ácido nucleico codificando o polipeptídeo de interesse. Por exemplo, promotores endógenos podem ser alterados in vivo por mutação, deleção, e/ou substituição (veja, Kmiec, Patente Norte-Americana No. 5.565.350; Zarling et al., Patente Internacional 9322443), ou promotores isolados podem ser introduzidos em uma célula vegetal na orientação e distância apropriada de um gene da presente invenção de forma a controlar a expressão do gene.

Se expressão de polipeptídeo é desejada, geralmente é desejável incluir uma região de poliadenilação na extremidade 3' de uma região de codificação de polinucleotídeo. A região de poliadenilação pode ser derivada do gene natural, de uma variedade de outros genes vegetais, ou de T-DNA. A seqüência de extremidade 3' a ser adicionada pode ser derivada, por exemplo, dos genes de nopalina sintase ou octopina sintase, ou alternativamente de outro gene vegetal, ou menos preferivelmente de qualquer outro gene eucariótico.

Uma seqüência intrônica também pode ser adicionada à região 5' não traduzida (UTR) ou à seqüência de codificação da seqüência de codificação parcial para aumentar a quantidade da mensagem madura que se acumula no citosol. Inclusão de um íntron processável na unidade de transcrição tanto em construções vegetais como animais mostrou aumentar expressão gênica tanto no nível de mRNA como protéico em até 1000 vezes (Buchman and Berg (1988) Mol. Cell biol. 8: 4395-4405; Callis et al. (1987) Genes Dev 1:1183-1200). Tal estimulação intrônica de expressão gênica tipicamente é maior quando colocada perto da extremidade 5' da unidade de transcrição. Uso dos íntrons de milho íntron Adh1-S 1, 2, e 6, o íntron Bronze-1 são conhecidos na arte. Para informação geral veja: The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling and Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Opcionalmente, uma ou mais seqüências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Elementos reguladores adicionais podem incluir acentuadores transcricionais assim como traducionais. Outras seqüências de controle (além de promotor, acentuador, silenciador, seqüências intrônicas, regiões 3'UTR e/ou 5'UTR) podem ser proteína e/ou agentes estabilizantes de RNA. Tais seqüências devem ser conhecidas ou podem ser prontamente obtidas por uma pessoa versada na arte.

As construções genéticas da invenção podem incluir

adicionalmente uma seqüência de origem de replicação que é requerida para manutenção e/ou replicação em um tipo de célula específico. Um exemplo é quando é requerido que uma construção genética seja mantida em uma célula bacteriana como um elemento genético episomal (e.g. molécula de plasmídeo ou cosmídeo). Origens de replicação preferidas incluem, mas não são limitadas a, a f1-ori e colE1.

Gene endógeno

Referência neste lugar a um gene "endógeno" se refere não apenas ao gene em questão como encontrado em uma planta em sua forma natural (i.e., sem haver qualquer intervenção humana), mas também se refere ao mesmo gene (ou um ácido nucleico/gene substancialmente homólogo) em uma forma isolada subseqüentemente (re)introduzido em uma planta (um transgene). Por exemplo, uma planta transgênica contendo um tal transgene pode confrontar uma redução substancial da expressão de transgene e/ou redução substancial de expressão do gene endógeno. O gene isolado pode ser isolado de um organismo ou pode ser feito pelo homem, por exemplo por síntese química.

Expressão diminuída

Referência neste lugar a "redução ou eliminação substancial" é adotada para significar uma diminuição em expressão de gene endógeno e/ou níveis de polipeptídeo e/ou atividade de polipeptídeo em relação a plantas de controle. A redução ou eliminação substancial é em ordem crescente de preferência pelo menos 10%, 20%, 30%, 40% ou 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, ou 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais reduzida comparada com aquela de plantas de controle. Redução ou eliminação substancial de expressão pode ser atingida usando ferramentas de rotina e técnicas conhecidas na arte.

Marcador selecionável (gene)/Gene repórter

"Marcador selecionável", "gene marcador selecionável" ou "gene repórter" inclui qualquer gene que confere um fenótipo em uma célula

na qual ele é expresso para facilitar a identificação e/ou seleção de células que são transfectadas ou transformadas com uma construção de ácido nucleico da invenção. Estes genes marcadores possibilitam a identificação de uma transferência bem sucedida das moléculas de ácido nucleico através de uma série de princípios diferentes. Marcadores adequados podem ser selecionados a partir de marcadores que conferem resistência a antibiótico ou herbicida, que introduzem uma nova característica metabólica ou que permitem seleção visual. Exemplos de genes marcadores selecionáveis incluem genes conferindo resistência a antibióticos (tal como *nptII* que fosforila neomicina e canamicina, ou *hpt*, fosforilando higromicina, ou genes conferindo resistência a, por exemplo, bleomicina, estreptomicina, tetraciclina, cloranfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomicina ou blasticidina), a herbicidas (por exemplo bar que fornece resistência a Basta®; aroA ou gox fornecendo resistência contra glifosato, ou os genes conferindo resistência a, por exemplo, imidazolinona, fosfinotricina ou sulfoniluréia), ou genes que fornecem uma característica metabólica (tal como manA que permite que plantas usem manose como única fonte de carbono ou xilose isomerase para a utilização de xilose, ou marcadores antinutritivos tal como a resistência a 2-desoxiglucose). Expressão de genes marcadores visuais resulta na formação de cor (por exemplo β-glucuronidase, 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 deste). Esta lista representa apenas um pequeno número de possíveis marcadores. O trabalhador versado é familiar com tais marcadores. Diferentes marcadores são preferidos, dependendo do organismo e do método de seleção.

Sabe-se que mediante integração estável ou transiente de ácidos nucleicos em células vegetais, apenas uma minoria das células absorve o DNA exógeno e, se desejado, o integra em seu genoma, dependendo do

vetor de expressão usado e da técnica de transfecção usada. Para identificar e selecionar estes integrantes, um gene codificando para um marcador selecionável (tal como aqueles descritos acima) normalmente é introduzido nas células hospedeiras junto com o gene de interesse. Estes marcadores por exemplo podem ser por usados em mutantes nos quais estes genes não são funcionais, por exemplo, por deleção por métodos convencionais. Além disso, moléculas de ácido nucleico codificando um marcador selecionável podem ser introduzidas em uma célula hospedeira no mesmo vetor que compreende a seqüência codificando os polipeptídeos da invenção ou usadas nos métodos da invenção, ou ainda em um vetor separado. Células que foram estavelmente transfectadas com o ácido nucleico introduzido podem ser identificadas por exemplo por seleção (por exemplo, células que integraram o marcador selecionável sobrevivem ao passo que as outras células morrem).

Uma vez que os genes marcadores, particularmente genes para resistência a antibióticos e herbicidas, não são mais requeridos ou são indesejados na célula hospedeira transgênica uma vez os ácidos nucleicos tenham sido introduzidos com sucesso, o processo de acordo com a invenção para introduzir os ácidos nucleicos vantajosamente emprega técnicas que possibilitam a remoção ou excisão destes genes marcadores. Um tal método é o que é conhecido como co-transformação. O método de co-transformação emprega dois vetores simultaneamente para a transformação, um vetor carregando o ácido nucleico de acordo com a invenção e um segundo carregando 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. Em caso de transformação com Agrobactérias, os transformantes normalmente recebem apenas uma parte do vetor, i.e. a seqüência flanqueada pelo T-DNA, que normalmente representa o cassete de expressão. Os genes marcadores podem ser subseqüentemente removidos da planta transformada realizando cruzamentos. Em outro método,

genes marcadores integrados em um transposon são usados para a transformação junto com ácido nucleico desejado (conhecida como a tecnologia Ac/Ds). Os transformantes podem ser cruzados com uma fonte de transposase ou os transformantes são transformados com uma construção de ácido nucleico conferindo expressão de uma transposase, transientemente ou estavelmente. Em alguns casos (aprox. 10%), o transposon pula fora do genoma da célula hospedeira uma vez que transformação tenha ocorrido com sucesso e é perdido. Em diversos casos adicionais, o transposon pula para uma localização diferente. Nestes casos o gene marcador deve ser eliminado realizando cruzamentos. Em microbiologia, foram desenvolvidas técnicas que tornam possível, ou facilitam, a detecção de tais eventos. Um método vantajoso adicional se fia no que é conhecido como sistemas de recombinação; cuja vantagem é de que eliminação por cruzamento pode ser dispensada. O sistema mais conhecido deste tipo é o que é conhecido como o sistema Cre/lox. Cre1 é uma recombinase que remove as seqüências localizadas entre as seqüências loxP. Se o gene marcador está integrado entre as seqüências loxP, ele é removido uma vez que transformação tenha ocorrido com sucesso, por expressão da recombinase. Sistemas de recombinação adicionais são os sistemas 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 sítio específica no genoma vegetal das seqüências de ácidos nucleicos de acordo com a invenção é possível. Naturalmente, estes métodos também podem ser aplicados a microorganismos tal como levedura, fungos ou bactérias.

Transgênico/Transgene/Recombinante

Para os propósitos da invenção, "transgênico", “transgene” ou "recombinante" significa com relação a, por exemplo, uma seqüência de ácidos nucleicos, um cassete de expressão, construção gênica ou um vetor compreendendo a seqüência de ácidos nucleicos ou um organismo

transformado com as seqüências de ácidos nucleicos, cassetes de expressão ou vetores de acordo com a invenção, todas estas construções causadas por métodos recombinantes nos quais ou

(a) as seqüências de ácidos nucleicos codificando proteínas úteis nos métodos da invenção, ou

(b) seqüência(s) de controle genético que é(são) operacionalmente ligada(s) com a seqüência de ácidos nucleicos de acordo com a invenção, por exemplo um promotor, ou

(c) a) e b)

não estão localizadas em seu ambiente genético natural ou foram modificadas por métodos recombinantes, sendo possível para a modificação tomar a forma de, por exemplo, uma substituição, adição, deleção, inversão ou inserção de um ou mais resíduos de nucleotídeos. O ambiente genético natural é entendido como significando o locus 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 seqüência de ácidos nucleicos é preferivelmente mantido, pelo menos em parte. O ambiente flanqueia a seqüência de ácidos nucleicos pelo menos em um lado e tem um comprimento de seqüência de pelo menos 50 bp, preferivelmente pelo menos 500 bp, especialmente preferivelmente pelo menos 1000 bp, mais preferivelmente pelo menos 5000 bp. Um cassete de expressão naturalmente ocorrente – por exemplo, a combinação naturalmente ocorrente do promotor natural das seqüências de ácidos nucleicos com a seqüência de ácidos nucleicos correspondente codificando um polipeptídeo útil nos métodos da presente invenção, como definido acima – se torna um cassete de expressão quando este cassete de expressão é modificade por métodos não naturais, sintéticos ("artificiais") tal como, por exemplo, tratamento mutagênico. Métodos adequados são descritos, por exemplo, em Patente Norte-Americana 5.565.350 ou Patente Internacional 00/15815.

Uma planta transgênica para os propósitos da invenção é assim entendida como significando, como acima, que os ácidos nucleicos usados no método da invenção não estão em seu locus natural no genoma de dita planta, sendo possível para os ácidos nucleicos serem expressos homologamente ou heterologamente. Entretanto, como mencionado, transgênico também significa que, enquanto os ácidos nucleicos de acordo com a invenção ou usados no método inventivo estão em sua posição natural no genoma de uma planta, a seqüência foi modificada com relação à seqüência natural, e/ou que as seqüências reguladoras das seqüências naturais foram modificadas. Transgênica é preferivelmente entendida como significando a expressão dos ácidos nucleicos de acordo com a invenção em um locus não natural no genoma, i.e. expressão homóloga ou, preferivelmente, heteróloga dos ácidos nucleicos ocorre. Plantas transgênicas preferidas são mencionadas neste lugar.

Transformação

O termo "introdução" ou "transformação" como referido neste lugar abrange a transferência de um polinucleotídeo exógeno para uma célula hospedeira, independente do método usado para transferência. Tecido vegetal capaz de subseqüente propagação clonal, quer por organogênese ou embriogênese, pode ser transformado com uma construção genética da presente invenção e uma planta inteira regenerada a partir daí. O tecido particular escolhido irá variar dependendo dos sistemas de propagação clonal disponíveis para, e melhor adequados para, a espécie particular sendo transformada. Alvos de tecido exemplares incluem discos foliares, pólen, embriões, cotilédones, hipocótilos, megagametófitos, tecido de calo, tecido meristemático existente (e.g., meristema apical, gemas axilares, e meristemas de raiz), e tecido de meristema induzido (e.g., meristema de cotilédone e meristema de hipocótilo). O polinucleotídeo pode ser transientemente ou estavelmente introduzido em uma célula hospedeira e pode ser mantido não integrado, por exemplo, como um plasmídeo. Alternativamente, ele pode ser

integrado no genoma hospedeiro. A célula vegetal transformada resultante pode então ser usada para regenerar uma planta transformada de uma maneira conhecida por pessoas versadas na arte.

A transferência de genes exógenos para o genoma de uma planta é chamada transformação. Transformação de espécies vegetais é agora uma técnica bastante rotineira. Vantajosamente, qualquer dos diversos 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 transformação transiente ou estável. Métodos de transformação incluem o uso de lipossomos, eletroporação, produtos químicos que aumentam absorção de DNA livre, injeção do DNA diretamente na planta, bombardeamento por pistola de partícula, transformação usando vírus ou pólen e microprojeção. Métodos podem ser selecionados a partir do método de cálcio/polietilenoglicol 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 de DNA ou RNA (Klein TM et al., (1987) Nature 327: 70) infecção com (não integrativa) vírus e os semelhantes. Plantas transgênicas, incluindo plantas cultiváveis transgênicas, preferivelmente são produzidas através de transformação mediada por *Agrobacterium*. Um método de transformação vantajoso é a transformação *in planta*. Para esta finalidade, é possível, por exemplo, permitir que as agrobactérias atuem em grãos vegetais ou inocular o meristema vegetal com agrobactérias. Provou-se particularmente adequado em conformidade com a invenção permitir que uma suspensão de agrobactérias transformadas atue na planta intacta ou pelo menos nos primórdios florais. A planta é subseqüentemente cultivada até que as

sementes da planta tratada sejam obtidas (Clough and Bent, Plant J. (1998) 16, 735–743). Métodos para transformação mediada por Agrobacterium de arroz incluem métodos bem conhecidos para transformação de arroz, tal como aqueles descritos em qualquer dos seguintes: pedido da Patente Européia EP 1198985 A1, Aldemita and Hodges (Planta 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), cujas descrições são incorporadas por referência neste lugar como se completamente apresentadas. No caso de transformação de milho, o método preferido é como descrito ou em Ishida et al. (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) ou Frame et al. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), cujas descrições são incorporadas por referência neste lugar como se completamente apresentadas. Ditos métodos são adicionalmente descritos como forma de exemplo em B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 e em Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). Os ácidos nucleicos ou a construção a ser expressa 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). Agrobactérias transformadas por um tal vetor podem ser usadas de uma maneira conhecida para a transformação de plantas, tal como plantas usadas como um modelo, como *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* está dentro do escopo da presente invenção não considerada como uma planta cultivável), ou plantas cultiváveis tal como, como forma de exemplo, plantas de tabaco, por exemplo imergindo folhas machucadas ou folhas picadas em uma solução agrobacteriana e então as cultivando em meio adequado. A transformação de plantas por meio de Agrobacterium tumefaciens é descrita, por exemplo, por Höfgen e Willmitzer em Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 ou é conhecida entre outras maneiras a partir de F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in

Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15-38.

Em adição à transformação de células somáticas, que então têm que ser regeneradas em plantas intactas, também é possível transformar as células de meristemas vegetais e em particular aquelas células que se desenvolvem em gametas. Neste caso, os gametas transformados seguem o desenvolvimento vegetal natural, gerando plantas transgênicas. Assim, por exemplo, sementes de *Arabidopsis* são tratadas com agrobactérias e sementes são obtidas a partir das plantas em desenvolvimento das quais uma certa proporção é transformada e assim transgênica [Feldman, KA and Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274-289; Feldmann K (1992). In: C Koncz, N-H Chua and J Shell, eds, Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapore, pp. 274-289]. Métodos alternativos são baseados na remoção repetida das inflorescências e incubação do sítio de excisão no centro da roseta com agrobactérias transformadas, através do que sementes transformadas podem da mesma maneira ser obtidas em um momento posterior (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Entretanto, um método especialmente efetivo é o método de infiltração a vácuo com suas modificações tal como o método de "botão 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 no caso do método de "botão floral" o tecido floral em desenvolvimento é incubado brevemente com uma suspensão agrobacteriana tratada com surfactante [Clough, SJ und Bent, AF (1998). The Plant J. 16, 735-743]. Uma certa proporção de sementes transgênicas são coletadas em ambos os casos, e estas sementes pode ser distinguidas de sementes não transgênicas cultivando nas condições seletivas descritas acima. Em adição, a transformação estável de plastídeos é vantajosa pelo fato de plastídeos serem herdados maternalmente

reduzindo ou eliminando o risco de fluxo de transgene através de pólen na maioria das culturas. A transformação do genoma de cloroplasto geralmente é atingida por um processo que foi esquematicamente apresentado em Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. Resumidamente as seqüências a serem transformadas são clonadas junto com um gene marcador selecionável entre seqüências flanqueadoras homólogas ao genoma de cloroplasto. Estas seqüências flanqueadoras homólogas dirigem integração sítio específica no plastoma. Transformação plastidial foi descrita para muitas espécies de plantas diferentes e uma visão geral é dada em Bock (2001) Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425-38 ou Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28. Progresso biotecnológico adicional foi recentemente relatado em forma de transformantes de plastídeos livres de marcador, que podem ser produzidos por um gene marcador co-integrado transiente (Klaus et al., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229).

Identificação por ativação de T-DNA

Identificação por ativação de T-DNA (Hayashi et al. Science (1992) 1350-1353), envolve inserção de T-DNA, normalmente contendo um promotor (também pode ser um acentuador de tradução ou um íntron), na região genômica do gene de interesse ou 10 kb antes ou depois da região de codificação de um gene em uma configuração de forma que o promotor dirige expressão do gene dirigido. Tipicamente, regulação de expressão do gene dirigido por seu promotor natural é interrompida e o gene cai sob o controle do promotor recentemente introduzido. O promotor é tipicamente embebido em um T-DNA. Este T-DNA é aleatoriamente inserido no genoma vegetal, por exemplo, através de infecção por *Agrobacterium* e leva a expressão modificada de genes perto do 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 Dirigidas em Genomas" e se refere a uma tecnologia de mutagênese útil para gerar e/ou identificar ácidos nucleicos codificando proteínas com expressão e/ou atividade modificada. TILLING também permite seleção de plantas carregando tais variantes mutantes. Estas variantes mutantes podem exibir expressão modificada, ou em força ou em localização ou em momento (se as mutações afetam o promotor por exemplo). Estas variantes mutantes podem exibir atividade maior do que aquela exibida pelo gene em sua forma natural. TILLING combina mutagênese de alta densidade com métodos de triagem rápida. As etapas tipicamente seguidas em TILLING são: (a) mutagênese EMS (Redei GP and Koncz C (1992) In Methods in Arabidopsis Research, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, pp. 16–82; Feldmann et al., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, Arabidopsis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137-172; Lightner J and Caspar T (1998) In J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, Methods on Molecular Biology, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, pp 91-104); (b) preparação de DNA e combinação de indivíduos; (c) amplificação por PCR de uma região de interesse; (d) desnaturação e anelamento para permitir formação de heteroduplexes; (e) DHPLC, onde a presença de um heteroduplex em uma combinação é detectada como um pico extra no cromatograma; (f) identificação do mutante individual; e (g) seqüenciamento do produto de PCR mutante. Métodos para TILLING são bem conhecidos na arte (McCallum et al., (2000) Nat Biotechnol 18: 455-457; revisto por Stemple (2004) Nat Rev Genet 5(2): 145-50).

Recombinação homóloga

Recombinação homóloga permite introdução em um genoma

de um ácido nucleico selecionado em uma posição selecionada definida. Recombinação homóloga é uma tecnologia padrão usada rotineiramente em ciências biológicas para organismos inferiores tal como levedura ou o musgo Physcomitrella. Métodos para realizar recombinação homóloga em plantas foram descritos não apenas para plantas modelo (Offringa et al. (1990) EMBO J 9(10): 3077-84) mas também para plantas cultiváveis, por exemplo arroz (Terada et al. (2002) Nat Biotech 20(10): 1030-4; Iida and Terada (2004) Curr Opin Biotech 15(2): 132-8).

Rendimento

O termo "rendimento" em geral significa uma produção mensurável de valor econômico, tipicamente relacionada a uma cultura especificada, a uma área, e a um período de tempo. Partes vegetais individuais contribuem diretamente para rendimento baseado em seu número, tamanho e/ou peso, ou o rendimento atual é o rendimento por acre para uma cultura e ano, que é determinada dividindo produção total (inclui tanto produção coletada como avaliada) por acres plantados. O termo "rendimento" de uma planta pode se relacionar a biomassa vegetativa (biomassa de raiz e/ou parte aérea), a órgãos reprodutivos, e/ou a propágulos (tal como sementes) de tal planta.

Adotando 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 sementes por fileira, peso de semente, peso de mil sementes, comprimento/diâmetro de espiga, aumento na taxa de enchimento de grãos (que é o número de grãos cheios dividido pelo número total de grãos e multiplicado por 100), entre outros. Adotando arroz como um exemplo, um aumento de rendimento pode ser manifestado como um aumento em um ou mais dos seguintes: número de plantas por hectare ou acre, número de

panículas por planta, número de espiguilhas por panícula, número de flores (floretes) por panícula (que é expresso como uma proporção do número de grãos cheios pelo número de panículas primárias), aumento na taxa de enchimento de grãos (que é o número de grãos cheios dividido pelo número total de grãos e multiplicado por 100), aumento em peso de mil sementes, entre outros.

Vigor precoce

"Vigor precoce" se refere a crescimento bem equilibrado saudável ativo especialmente durante estágios iniciais de crescimento vegetal, e pode resultar de aptidão vegetal aumentada devido a, por exemplo, as plantas serem mais bem adaptadas a seu ambiente (i.e. otimizando o uso de recursos energéticos e divisão entre parte aérea e raiz). Plantas tendo vigor precoce também mostram uma sobrevivência de plântula aumentada e um melhor estabelecimento da cultura, o que freqüentemente resulta em campos altamente uniformes (com a cultura crescendo de maneira uniforme, i.e. com a maioria das plantas atingindo os vários estágios de desenvolvimento substancialmente ao mesmo tempo), e freqüentemente rendimento melhor e maior. Portanto, vigor precoce pode ser determinado medindo vários fatores, tal como peso de mil sementes, porcentagem de germinação, porcentagem de emergência, crescimento de plântula, altura de plântula, comprimento de raiz, biomassa de raiz e parte aérea e muito mais.

Aumento/Melhora/Acentuação

Os termos "aumento", "melhora" ou "acentuação" são permutáveis e devem significar no sentido do pedido pelo menos 5%, 6%, 7%, 8%, 9% ou 10%, preferivelmente pelo menos 15% ou 20%, mais preferivelmente 25%, 30%, 35% ou 40% mais rendimento e/ou crescimento em comparação com plantas de controle como definido neste lugar.

Índice verde

O "índice verde" como usado neste lugar é calculado a partir

de imagens digitais de plantas. Para cada pixel pertencendo ao objeto vegetal na imagem, a proporção do valor de verde versus o valor de vermelho (no modelo RGB para codificar cor) é calculada. O índice verde é expresso como a porcentagem de pixéis para a qual a proporção de verde para vermelho excede um dado limiar. Em condições normais de crescimento, em condições de crescimento com estresse salino, e em condições de crescimento com disponibilidade reduzida de nutrientes, o índice verde de plantas é medido no último tratamento de imagens antes de florescimento. Em contraste, em condições de crescimento com estresse por seca, o índice verde de plantas é medido no primeiro tratamento de imagens depois de seca.

Rendimento de sementes

Rendimento aumentado de sementes pode ser manifestado como um ou mais dos seguintes: a) um aumento em biomassa de semente (peso total de semente) que pode ser em uma base de semente individual e/ou por planta e/ou por hectare ou acre; b) número aumentado de flores por planta; c) número aumentado de sementes (cheias); d) taxa aumentada de enchimento de grãos (que é expressa como a proporção entre o número de grãos cheios dividido pelo número total de grãos); e) índice de colheita aumentado, que é expresso como proporção do rendimento de partes aptas para corte, tal como sementes, dividida pela biomassa total; e f) Peso de Mil Sementes (TKW) aumentado, que é extrapolado a partir do número de grãos cheios contados e seu peso total. Um TKW aumentado pode resultar de um tamanho de semente e/ou peso de semente aumentado, e também pode resultar de um aumento em tamanho de embrião e/ou endosperma.

Um aumento em rendimento de sementes também pode ser manifestado como um aumento em tamanho de semente e/ou volume de semente. Além disso, um aumento em rendimento de sementes também pode ser manifestado como um aumento em área de semente e/ou comprimento de semente e/ou largura de semente e/ou perímetro de semente. Rendimento

aumentado também pode resultar em arquitetura modificada, ou pode ocorrer por causa de arquitetura modificada.

Taxa de crescimento aumentada

Uma vez que as plantas transgênicas de acordo com a presente invenção têm rendimento aumentado, 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 tipo selvagem correspondentes em um estágio correspondente em seu ciclo de vida. Além da capacidade de rendimento aumentada, uma eficiência aumentada de absorção de nutrientes também pode contribuir para o aumento em rendimento. É observado que as plantas de acordo com a presente invenção mostram uma maior eficiência em absorção de nutrientes. Eficiência aumentada de absorção de nutrientes permite melhor crescimento da planta, quer a planta esteja em condições de estresse ou não estresse.

A taxa de crescimento aumentada pode ser específica para uma ou mais partes de uma planta (incluindo sementes), ou pode estar substancialmente ao longo de toda a planta. Uma planta tendo uma taxa de crescimento aumentada pode ainda exibir florescimento precoce. O aumento em taxa de crescimento pode ocorrer em um ou mais estágios no ciclo de vida de uma planta ou durante substancialmente o ciclo de vida inteiro de planta. Taxa de crescimento aumentada durante os estágios iniciais no ciclo de vida de uma planta pode refletir vigor melhorado (vigor de plântula aumentado em emergência). O aumento em taxa de crescimento pode alterar o ciclo de colheita de uma planta permitindo que plantas sejam semeadas mais tarde e/ou colhidas mais cedo do que de outra maneira seria possível. Se a taxa de crescimento é suficientemente aumentada, ela pode permitir semeadura adicional de sementes da mesma espécie de planta (por exemplo semeadura e colheita de plantas de arroz seguido por semeadura e colheita de plantas de arroz adicionais todas dentro de um período de cultivo convencional).

Similarmente, se a taxa de crescimento é suficientemente aumentada, ela pode permitir semeadura adicional de sementes de espécies vegetais diferentes (por exemplo a semeadura e colheita de plantas de arroz seguido por, por exemplo, a semeadura e colheita opcional de soja, batata ou qualquer outra planta adequada). Tempos de colheita adicionais do mesmo rizoma no caso de algumas plantas cultiváveis também podem ser possíveis. Alterar o ciclo de colheita de uma planta pode levar a um aumento em produção anual de biomassa por acre (devido a um aumento no número de vezes (digamos que em um ano) que qualquer planta particular pode ser cultivada e colhida). Um aumento em taxa de crescimento também pode permitir o cultivo de plantas transgênicas em uma área geográfica mais ampla do que suas contrapartes tipo selvagem, uma vez que as limitações territoriais para cultivar uma cultura freqüentemente são determinadas por condições ambientais adversas ou no momento de plantio (ciclo precoce) ou no momento de colheita (ciclo tardio). Tais condições adversas podem ser evitadas se o ciclo de colheita é encurtado. A taxa de crescimento pode ser determinada derivando vários parâmetros de curvas de crescimento, tais parâmetros podem ser: T-Mid (o tempo usado por plantas para atingir 50% de seu tamanho máximo) e T-90 (tempo usado por plantas para atingir 90% de seu tamanho máximo), entre outros.

Um aumento em rendimento e/ou taxa de crescimento ocorre quer a planta esteja em condições de não estresse ou quer a planta seja exposta a vários estresses comparada com plantas de controle. Plantas tipicamente respondem a exposição a estresse crescendo mais lentamente. Em condições de estresse severo, a planta pode até parar de crescer no geral. Estresse brando por outro lado é definido neste lugar como sendo qualquer estresse ao qual uma planta é exposta que não resulta em parada de crescimento de planta no geral sem a capacidade de retomar crescimento. 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 em condições de não estresse. Devido a avanços em práticas agrícolas (irrigação, fertilização, tratamentos com pesticidas) estresses severos não são freqüentemente encontrados em plantas cultiváveis cultivadas. Como uma conseqüência, o crescimento comprometido induzido por estresse brando freqüentemente é uma característica indesejável para agricultura. Estresses brandos são os estresses (ambientais) bióticos e/ou abióticos do dia-a-dia aos quais uma planta é exposta. Estresses abióticos podem ser devidos a seca ou excesso de água, 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 hídrico (particularmente devido à seca), estresse salino, estresse oxidativo ou um estresse iônico. Estresses bióticos são tipicamente aqueles estresses causados por patógenos, tal como bactérias, vírus, fungos e insetos.

Em particular, os métodos da presente invenção podem ser realizados em condições de não estresse para gerar plantas tendo rendimento aumentado em relação a plantas de controle. Como relatado em Wang et al. (Planta (2003) 218: 1-14), estresse abiótico leva a uma série de mudanças morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares que afetam adversamente crescimento e produtividade vegetal. Seca, salinidade, temperaturas extremas e estresse oxidativo são conhecidos por serem interconectados e podem induzir prejuízo de crescimento e celular através de mecanismos similares. Rabbani et al. (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) descreve um grau particularmente alto de "interferência" entre estresse por seca e estresse por alta salinidade. Por exemplo, seca e/ou salinização são manifestadas primariamente como estresse osmótico, resultando na ruptura de homeostase e distribuição iônica na célula. Estresse oxidativo, que freqüentemente acompanha temperatura alta ou baixa, salinidade ou estresse

por seca, pode causar desnaturação de proteínas funcionais e estruturais. Como uma conseqüência, estes diversos estresses ambientais freqüentemente ativam vias de sinalização celular e respostas celulares similares, tal como a produção de proteínas de estresse, aumento de antioxidantes, acumulação de solutos compatíveis e suspensão de crescimento. O termo condições de "não estresse" como usado neste lugar são aquelas condições ambientais que permitem crescimento ótimo de plantas. Pessoas versadas na arte estarão cientes de condições de solo e condições climáticas normais para uma dada localização.

Planta

O termo "planta" como usado neste lugar abrange plantas inteiras, ancestrais e progênie das plantas e partes vegetais, incluindo sementes, partes aéreas, caules, folhas, raízes (incluindo tubérculos), flores, e tecidos e órgãos, caracterizado pelo fato de que cada um dos mencionados acima compreende o gene/ácido nucleico de interesse. O termo "planta" também abrange células vegetais, culturas em suspensão, tecido de calo, embriões, regiões meristemáticas, gametófitos, esporófitos, pólen e micrósporos, de novo caracterizado pelo fato de que cada um dos mencionados acima compreende o gene/ácido nucleico de interesse.

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 de forragem, plantas ornamentais, cultivos alimentares, árvores ou arbustos selecionados a partir da lista compreendendo *Acacia* spp.,*Acer* spp., *Actinidia* spp., *Aesculus* spp., *Agathis australis, Albizia amara, Alsophila tricolor, Andropogon* spp., *Arachis* spp, *Areca catechu, Astelia fragrans, Astragalus cicer, Abelmoschus* spp., *Agave sisalana, Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera, Allium* spp., *Amaranassim* spp., *Ammophila arenaria, Ananas comosus, Annona* spp., *Apium graveolens, Artocarpus* spp.,

Asparagus officinalis, Avena spp. *(e.g. Avena sativa, Avena fatua, Avena byzantina, Avena fatua var. sativa, Avena hybrida), Averrhoa carambola Baikiaea plurijuga, Betula* spp., *Bruguiera gymnorrhiza, Burkea africana, Butea frondosa, Bambusa sp., Benincasa hispida, Bertholletia excelsea, Beta vulgaris, Brassica* spp. *(e.g. Brassica napus, Brassica rapa* ssp. [canola, colza, nabo]), *Cadaba farinosa, Calliandra* spp, *Camellia sinensis, Canna indica, Capsicum* spp., *Cassia* spp., *Centroema pubescens, Chaenomeles* spp., *Cinnamomum cassia, Coffea arabica, Colophospermum mopane, Coronillia varia, Cotoneaster serotina, Crataegus* spp., *Cucumis* spp., *Cupressus* spp., *Cyathea dealbata, Cydonia oblonga, Cryptomeria japonica, Cymbopogon* spp., *Cynthea dealbata, Cydonia oblonga, Cadaba farinosa, Camellia sinensis, Cannabis sativa, Capsicum* spp., *Carex elata, 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., *Cynara* spp., *Dalbergia monetaria, Davallia divaricata, Desmodium* spp., *Dicksonia squarosa, Diheteropogon amplectens, Dioclea* spp, *Dolichos* spp., *Dorycnium rectum, Daucus carota, Dimocarpus longan, Dioscorea* spp., *Diospyros* spp.,*Echinochloa pyramidalis, Ehrartia* spp., *Eleusine coracana, Eragrestis* spp., *Erythrina* spp., *Eucalyptus* spp., *Euclea schimperi, Eulalia villosa, Elaeis (e.g. Elaeis guineensis, Elaeis oleifera),, Erianassim sp., Eriobotrya japonica,, Eugenia uniflora, Fagopyrum* spp., *Feijoa sellowiana, Fragaria* spp., *Flemingia* spp, *Freycinetia banksii, Fagus* spp., *Festuca arundinacea, Ficus carica, Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Geranium thunbergii, Ginkgo biloba, Glycine* spp. *(e.g. Glycine max, Soja hispida ou Soja max), Glycine javanica, Gliricidia* spp, *Gossypium hirsutum, Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma, Gossypium hirsutum, Helianassim* spp. *(e.g. Helianassim annuus), Hemerocallis fulva, Hedysarum* spp.,

Hemarthia altissima, Heteropogon contortus, Hibiscus spp., *Hordeum* spp. *(e.g. Hordeum vulgare), Hyparrhenia rufa, Hypericum erectum, Hyperthelia dissoluta, Indigo incarnata, Iris* spp., *Ipomoea batatas, Juglans* spp., *Leptarrhena pyrolifolia, Lespediza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala, Loudetia simplex, Lotonus bainesii, Lotus* spp.,.*Lactuca sativa, Lathyrus* spp., *Lens culinaris, Linum usitatissimum, Litchi chinensis, Luffa acutangula, Lupinus* spp., *Luzula sylvatica, Lycopersicon* spp. *(e.g. Lycopersicon esculentum, Lycopersicon lycopersicum, Lycopersicon pyriforme), Macrotyloma* spp., *Macrotyloma axillare, Malus* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata, Mammea americana, Mangifera indica, Manihot* spp., *Manihot esculenta, Medicago sativa, Metasequoia glyptostroboides, Manilkara zapota, Medicago sativa, Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanassim sinensis, Momordica* spp., *Morus nigra, Musa* spp., *Musa sapientum, Nicotianum* spp., *Onobrychis* spp., *Ornithopus* spp., *Peltophorum africanum, Pennisetum* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Oryza* spp. *(e.g. Oryza sativa, Oryza latifolia), Panicum miliaceum, Panicum virgatum, Passiflora edulis, Pastinaca sativa, Pennisetum sp., Persea* spp., *Persea gratissima, Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis, Phormium cookianum, Photinia* spp., *Picea glauca, Pinus* spp., *Pisum sativum, Podocarpus totara, Pogonarthria fleckii, Pogonarthria squarrosa, 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., *Prosopis cineraria, Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum, Pyrus communis, Pseudotsuga menziesii, Pterolobium stellatum, Pyrus communis, Quercus* spp., *Rhaphiolepsis umbellata, Rhopalostylis sapida, Rhus natalensis, Ribes grossularia, Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia, Rosa* spp., *Raphanus sativus, Rheum rhabarbarum, Ricinus communis, Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum, Sciadopitys verticillata, Sequoia sempervirens, Sequoiadendron*

giganteum, Saccharum spp., *Sambucus* spp., *Secale cereale, Sesamum* spp., *Sinapis sp., Solanum* spp. *(e.g. Solanum tuberosum, Solanum integrifolium ou Solanum lycopersicum), Sorghum bicolor, Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus, Stiburus alopecuroides, Stylosanthos humilis, Syzygium* spp., *Tadehagi* spp, *Taxodium distichum, Themeda triandra, Trifolium* spp., *Triticum* spp. *(e.g. Triticum aestivum, Triticum durum, Triticum turgidum, Triticum hybernum, Triticum macha, Triticum sativum ou Triticum vulgare), Tagetes* spp., *Tamarindus indica, Theobroma cacao, Triticosecale rimpaui, Tsuga heterophylla, Tropaeolum minus, Tropaeolum majus, Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vitis vinifera, Vigna* spp., *Viola odorata, Vitis* spp., *Watsonia pyramidata, Zantedeschia aethiopica, Zea mays*, *Zizania palustris, Ziziphus* spp., amaranto, alcachofra, aspargo, brócolis, couve-de-bruxelas, repolho, canola, cenoura, couve-flor, aipo, couve-de-folhas, linheiro, couve, lentilha, colza, quiabo, cebola, batata, arroz, soja, morango, beterraba açucareira, cana-de-açúcar, girassol, tomate, abóbora, chá e alga, entre outras.

Alinhamento de seqüências

Métodos para o alinhamento de seqüências para comparação são bem conhecidos na arte, 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 (por toda a seqüência) de duas seqüências que maximiza o número de pareamentos e minimiza o número de lacunas. O algoritmo BLAST (Altschul et al. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula identidade de seqüência percentual e realiza uma análise estatística da similaridade entre as duas seqüências. O aplicativo computacional para realizar análise BLAST está publicamente disponível através do National Centre for Biotechnology Information. Homólogos podem ser prontamente identificados usando, por exemplo, o algoritmo de alinhamento de múltiplas seqüências ClustalW (versão 1.83), com os parâmetros padrão de alinhamento pareado, e um método de pontuação em

porcentagem. Porcentagens globais de similaridade e identidade também podem ser determinadas usando um dos métodos disponíveis no pacote de aplicativo computacional MatGAT (Campanella et al., BMC Bioinformatics. 2003 Jul 10;4:29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences.). Edição manual secundária pode ser realizada para aperfeiçoar alinhamento entre motivos conservados, como seria evidente para uma pessoa versada na arte. Além disso, ao invés de usar seqüências de comprimento completo para a identificação de homólogos, domínios específicos também podem ser usados. Os valores de identidade de seqüências, que são indicados abaixo em Exemplo 3 como uma porcentagem foram determinados por toda a seqüência de ácidos nucleicos ou de aminoácidos, e/ou por domínios selecionados ou motivo(s) conservado(s), usando os programas mencionados acima usando os parâmetros padrão.

Busca blast recíproca

Busca blast recíproca tipicamente envolve um primeiro BLAST envolvendo BLASTing uma seqüência de busca (por exemplo usando qualquer das seqüências listadas em Tabela 1, Tabela 2, Tabela 14 de Exemplo 9 ou Tabela 18 de Exemplo 18) contra qualquer banco de dados de seqüências, tal como o banco de dados publicamente disponível de NCBI. BLASTN ou TBLASTX (usando valores pré-determinados padrão) são geralmente usados ao iniciar de uma seqüência de nucleotídeos, e BLASTP ou TBLASTN (usando valores pré-determinados padrão) ao iniciar de uma seqüência de proteínas. Os resultados de BLAST podem ser opcionalmente filtrados. As seqüências de comprimento completo ou dos resultados filtrados ou resultados não filtrados são então submetidas a uma segunda busca BLAST (BLAST de retorno) contra seqüências do organismo do qual a seqüência de consulta é derivada (onde a seqüência de consulta é qualquer uma de SEQ ID NO: 1 ou SEQ ID NO: 2, ou SEQ ID NO: 50 to SEQ ID NO: 59, ou SEQ ID NO: 131 ou SEQ ID NO: 132 ou SEQ ID NO: 257 ou SEQ ID

NO: 258, o segundo BLAST deve portanto ser contra seqüências de *Oryza sativa*). Os resultados da primeira e segunda busca BLAST são então comparados. Um parálogo é identificado se um acerto de alto ranqueamento do primeiro BLAST é da mesma espécie da qual a seqüência de consulta é derivada, um BLAST de retorno então idealmente resulta na seqüência de consulta como maior acerto; um ortólogo é identificado se um acerto de alto ranqueamento não é da mesma espécie da qual a seqüência de consulta é derivada, e preferivelmente resulta mediante BLAST de retorno na seqüência de consulta estando entre os maiores acertos.

Acertos de alto ranqueamento são aqueles tendo um baixo valor E. Quanto menor o valor E, mais significante é o escore (ou em outras palavras menor a chance de que o acerto tenha sido encontrado ao acaso). Computação do valor E é bem conhecida na arte. Em adição a valores E, comparações também são pontuadas por identidade percentual. Identidade percentual se refere ao número de nucleotídeos (ou aminoácidos) idênticos entre as duas seqüências de ácidos nucleicos (ou polipeptídeos) comparadas ao longo de um comprimento particular. No caso de famílias grandes, ClustalW pode ser usado, seguido por uma árvore de agrupamento de vizinhos, para ajudar a visualizar agrupamento de genes relacionados e para identificar ortólogos e parálogos.

Amplificação

Diversos métodos baseados em amplificação de ácidos nucleicos para mapeamento genético e físico podem ser realizados usando os ácidos nucleicos. Exemplos incluem amplificação alelo específica (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11:95-96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield *et al.* (1993) Genomics 16:325-332), ligação alelo específica (Landegren *et al.* (1988) Science 241:1077-1080), reações de extensão de nucleotídeo (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18:3671), Mapeamento de Híbrido de Radiação (Walter *et al.* (1997) Nat.

Genet. 7:22-28) e Mapeamento Apropriado (Dear and Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17:6795-6807). Para estes métodos, a seqüência de um ácido nucleico é usada para conceber e produzir pares de iniciadores para uso na reação de amplificação ou em reações de extensão de iniciador. A concepção de tais iniciadores é bem conhecida por aqueles versados na arte. Em métodos empregando mapeamento genético baseado em PCR, pode ser necessário identificar diferenças de seqüências de DNA entre os ancestrais do cruzamento de mapeamento na região correspondendo à atual seqüência de ácidos nucleicos. Isto, entretanto, geralmente não é necessário para métodos de mapeamento.

Descrição detalhada da invenção

A presente invenção fornece um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC. Um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando uma classe particular de fator de transcrição NAC como adicionalmente definido abaixo.

Em adição, a presente invenção fornece um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2. A presente invenção fornece adicionalmente um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

Com relação a um fator de transcrição NAC, o ácido nucleico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil para realizar os métodos da

invenção) é qualquer ácido nucleico codificando o tipo de fator de transcrição NAC que será agora descrito. Um "fator de transcrição NAC" como definido neste lugar se refere a qualquer seqüência de aminoácidos que quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo uma seqüência de aminoácidos representada por qualquer uma de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59, ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

Uma pessoa versada na arte pode determinar prontamente se qualquer seqüência de aminoácidos em questão cai dentro da definição de um "fator de transcrição NAC" usando técnicas e aplicativos computacionais conhecidos para a confecção de uma tal árvore filogenética, tal como um pacote GCG, EBI ou CLUSTAL, usando parâmetros padrão. A árvore filogenética de Fig. 1 é obtida de Ooka *et al.*, 2003 (DNA Research 10, 239-247, 2003). O método para construir uma tal árvore filogenética é descrito em Ooka *et al.*, 2003. Na árvore filogenética de Fig. 1, SEQ ID NO: 2 é encontrada no terceiro grupo a partir do último, "OsNAC7" marcado e SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59 são encontrados na área começando de (e incluindo) o grupo marcado no lado direito da página como "ONAC022" e terminando com (e incluindo) o grupo marcado no lado direito da página como "OsNAC3". Qualquer seqüência se agrupando dentro destas áreas, o que compreende as seqüências de SEQ ID NO: 2 em um lado e SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59 no outro lado, deve ser considerada como caindo dentro da definição mencionada acima de um fator de transcrição NAC, e deve ser considerada adequada para uso nos métodos da invenção.

Adicionalmente ou alternativamente, um "fator de transcrição

NAC" como definido neste lugar é aquele compreendendo qualquer um ou mais dos Motivos descritos abaixo.

Motivo I: KIDLDIIQELD, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo I.

Motivo I é preferivelmente K/P/R/G I/S/M D/A/E/Q L/I/V D I/V/F I Q/V/R/K E/D L/I/V D.

Motivo II: CKYGXGHGGDEQTEW, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo II, onde 'X' é adotado como sendo qualquer aminoácido ou uma lacuna.

Motivo II é preferivelmente C K/R Y/L/I G XXX G/Y/N D/E E Q/R T/N/S EW, onde 'X' é qualquer aminoácido ou uma lacuna.

Motivo III: GWVVCRAFQKP, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo III.

Motivo III é preferivelmente GWVVCR A/V F X^1 K X^2, onde 'X^1' e 'X^2' podem ser qualquer aminoácido, preferivelmente X^1 é Q/R/K, preferivelmente X^2 é P/R/K.

Motivos I a III são encontrados nos NACs representados por SEQ ID NO: 2, e também são tipicamente encontrados em agrupamento de NACs (em uma árvore filogenética de NACs) com o grupo de NACs compreendendo SEQ ID NO: 2–ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

Motivo IV: PVPIIA, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo IV.

Motivo IV é preferivelmente A/P/S/N V/L/I/A P/S/D/V/Q V/I I A/T/G.

Motivo V: NGSRPN, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo V.

Motivo V é preferivelmente N G/S S/Q/A/V RP N/S.

Motivo VI: CRLYNKK, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo VI.

Motivo VI é preferivelmente C/Y R/K L/I Y/H/F N/K K K/N/C/S/T

Motivos III a VI são tipicamente encontrados em NACs de SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59 e em agrupamento de NACs (em uma árvore filogenética) com os NACs representados pelas SEQ ID NOs mencionadas acima ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

Motivo VII: NEWEKMQ, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo VII.

Motivo VII é preferivelmente N E/Q/T WEK M/V Q/R/K

Motivo VIII: WGETRTPESE, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo VIII.

Motivo VIII é preferivelmente WGE T/A RTPES E/D

Motivo IX: VPKKESMDDA, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo IX.

Motivo IX é preferivelmente V/L PK K/E E S/R/A/V M/V/A/Q/R D/E D/E/L A/G/D

Motivo X: SYDDIQGMYS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de

identidade de seqüência com a seqüência de Motivo X.

Motivo X é preferivelmente S L/Y DD L/I Q G/S L/M/P G/Y S/N.

Motivos VII, VIII, IX e X são tipicamente encontrados em NACs de SEQ ID NO: 51 e em agrupamento de NACs (em uma árvore filogenética) com o NAC de SEQ ID NO: 51 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

Motivo XI: DSMPRLHADSSCSE, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo XI.

Motivo XI é preferivelmente DS M/V/I P R/K L/I/A H T/A/S D/E SS C/G SE.

Motivo XI é tipicamente encontrado em NACs de SEQ ID NO: 53 e SEQ ID NO: 55 e em agrupamento de NACs (em uma árvore filogenética) com os NACs representados pelas SEQ ID Nos mencionadas acima ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

Cada um dos motivos I a XI pode compreender uma ou mais substituição conservativa de aminoácidos em qualquer posição.

Exemplos de fatores de transcrição NAC como definido neste lugar, i.e. qualquer seqüência de aminoácidos que quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs representado por qualquer uma de SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC, são como dados em Tabelas 3 e 4 abaixo.

Tabela 3: Exemplos de fatores de transcrição NAC que se agrupam (em uma árvore filogenética) com o NAC representado por SEQ ID NO: 2 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC

Ácido Nucleico	Aminoácido	Número de Acesso de NCBI	Outro nome (se algum)	Fonte
SEQ ID NO: 1	SEQ ID NO: 2	XM_479673.1	NAM2 (também chamado CDS4054 no alinhamento de Fig. 2)	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 3	SEQ ID NO: 4	AK106313		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 5	SEQ ID NO: 6	NM_187584.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 7	SEQ ID NO: 8	XM_467007.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 9	SEQ ID NO: 10	XM_473322.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 11	SEQ ID NO: 12	ABE89364		*Medicago truncatula*
SEQ ID NO: 13	SEQ ID NO: 14	NM_101098.2	ANAC007/EMB2749	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 15	SEQ ID NO: 16	NM_104947.1	ANAC026	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 17	SEQ ID NO: 18	XM_476289.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 19	SEQ ID NO: 20	NM_127362.1	ANAC037	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 21	SEQ ID NO: 22	NM_119783.2	ANAC076	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 23	SEQ ID NO: 24	NM_187584.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 25	SEQ ID NO: 26	NM_125632.1	ANAC101	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 27	SEQ ID NO: 28	NM_126028.1	ANAC105	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 29	SEQ ID NO: 30	AK071064.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 31	SEQ ID NO: 32	NM_105851.1	ANAC030	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 33	SEQ ID NO: 34	NM_197511.1		*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 35	SEQ ID NO: 36	AB217775.1		*Zinnia elegans*
SEQ ID NO: 37	SEQ ID NO: 38	AJ833965.1		*Zea mays*

Tabela 4: Exemplos de fatores de transcrição NAC que se agrupam (em uma árvore filogenética) com o NAC representado por qualquer uma de SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC

SEQ ID NO: 50	**SEQ ID NO: 51**	**XM_470088.1**	**NAC1 (também conhecido como CDS4035 no alinhamento de Fig. 2)**	***Oryza sativa***
SEQ ID NO: 52	SEQ ID NO:-53	AB028185.1 BAA89800.1	NAC4 (conhecido como OsNAC6 em alinhamento de Fig. 2)	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 54	SEQ ID NO: 55	AB028184.1 BAA89799.1	NAC6 (conhecido como OsNAC5 em alinhamento de Fig. 2)	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 56	SEQ ID NO: 57	AK107330.1	NAC7 (conhecido como ONAC24 em alinhamento de Fig. 2)	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 58	SEQ ID NO: 59	AK069257.1	NAC3 (conhecido como CDS4034 em alinhamento de Fig. 2)	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 60	SEQ ID NO: 61	AY625683.1 AAU08786.1	NAC2-tipo TaNAC2	*Triticum aestivum*
SEQ ID NO: 62	SEQ ID NO: 63	AY103772.1	PCO133091	*Zea mays*
SEQ ID NO: 64	SEQ ID NO: 65	AJ010829.1 CAA09371.1	GRAB1 TACAA09371.1	*Triticum aestivum*
SEQ ID NO: 66	SEQ ID NO: 67	NM_186659.2 NP_911548.1	RiceNP_911548.1 tipo NAC3	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 68	SEQ ID NO: 69	DQ267442.1 ABB72844.1	elaeis tipo NAC1	*Elaeis guineensis*
SEQ ID NO: 70	SEQ ID NO: 71	AB028183.1 BAA89798.1	OsNAC4 tipo NAC4	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 72	SEQ ID NO: 73	DQ028770.1 AAY46122.1	GmNAC2AAY46122.1 tipo NAC2	*Glycine max*
SEQ ID NO: 74	SEQ ID NO: 75	AY498713.1 AAR88435.1	tomatoNAC tipo NAC	*Lycopersicon esculentum*
SEQ ID NO: 76	SEQ ID NO: 77	AY245883.1 AAP35052.1	NAC5-8 BrassicaNAC5-8"NAC-domínio	*Brassica napus*
SEQ ID NO: 78	SEQ ID NO: 79	XM_475238.1 XP_475238.1	NAC48 AK068392"putativo	*Oryza sativa*
SEQ ID NO: 80	SEQ ID NO: 81	AJ401151.1 CAC42087.1	NAC solanum"putativo	*Solanum tuberosum*
SEQ ID NO: 82	SEQ ID NO: 83	NM_147856.2 NP_680161.1	ATAF2 AT5G08790"="ATAF2 "NP_680161.1"	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 84	SEQ ID NO:-85	AF509873.1 AAM34773.1	NH10 PetuniaNH10="nam-tipo	*Petunia x hybrida*
SEQ ID NO: 86	SEQ ID NO: 87	AB218789 BAE48667.1	NAC PrunusPm74"NAC	*Prunus mume*
SEQ ID NO: 88	SEQ ID NO: 89	AY245885.1	NAC18	*Brassica napus*

		AAP35054.1	BnNAC18"NAC-domain	
SEQ ID NO: 90	SEQ ID NO: 91	NM_125774.3 NP_201184.2	ANAC102	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 92	SEQ ID NO: 93	AY714222.1 AAW48094.1	NAC CaNAC1	*Capsicum annuum*
SEQ ID NO: 94	SEQ ID NO: 95	NM_100054.2 NP_171677	ATAF1	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 96	SEQ ID NO: 97	AY573802.1 AAU43922.1	NAC-NOR LeNAC-NOR"transcrição	*Lycopersicon esculentum*
SEQ ID NO: 98	SEQ ID NO: 99	NM_118875.2 NP_567773.1	RD26 Arabidopsis	*Arabidopsis thaliana*
SEQ ID NO: 100	SEQ ID NO: 101	DQ022843.1 AAY44098.1	NAC69-3 NAC69-3"TaNAC69-3""NAC	*Triticum aestivum*
SEQ ID NO: 102	SEQ ID NO: 103	A625682.1 AAU08785.1	NAC69-1 NAC69-1"TaNAC69""NAC	*Triticum aestivum*
SEQ ID NO: 104	SEQ ID NO: 105	AY742218.1 AAW62955.1	NAC23 Saccharum	*Saccharaum officinarum*
SEQ ID NO: 106	SEQ ID NO: 107	AK063406.1	NAC10 ONAC10AK063406	*Oryza sativa*
SEQ ID NO:-108	SEQ ID NO: 109	AC145753.1	NAM medicagoNACtipo	*Medicago truncatula*

A invenção é ilustrada transformando plantas com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 1, codificando a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 2, e com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 50, codificando a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 51, e com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 52, codificando a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 53, e com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 54, codificando o polipeptídeo de SEQ ID NO: 55, e com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 56, codificando o polipeptídeo de SEQ ID NO: 57, e com a seqüência de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 58, codificando o polipeptídeo de SEQ ID NO: 59, entretanto desempenho da invenção não é restrito a estas seqüências. Os métodos da invenção podem ser realizados usando qualquer ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar, tal como qualquer das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4.

As seqüências de aminoácidos de NAC dadas na Tabela 3

podem ser consideradas como sendo ortólogas e parálogas do NAC representado por SEQ ID NO: 2. As seqüências de aminoácidos de NAC dadas na Tabela 4 podem ser consideradas como sendo ortólogas e parálogas do NAC representado por qualquer uma de SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59.

Ortólogos e parálogos podem ser facilmente encontrados realizando uma assim chamada busca blast recíproca como descrito na seção "definições" neste lugar. Onde a seqüência de consulta é qualquer uma de SEQ ID NO: 1 ou SEQ ID NO: 2, ou SEQ ID NO: 50 a SEQ ID NO: 59, o segundo BLAST portanto deve ser contra seqüências de *Oryza*.

Tabela 3 dá exemplos de ortólogos e parálogos do NAC representado por SEQ ID NO 2. Tabela 4 dá exemplos de ortólogos e parálogos do NAC representado por SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55 SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59. Ortólogos e parálogos adicionais podem ser prontamente identificados usando o procedimento BLAST descrito acima e pelo procedimento seguinte dado na seção de Exemplos.

As proteínas NAC são identificáveis pela presença de um domínio NAC N-terminal altamente conservado (mostrado em Figura 5), acompanhado por diversos domínios C-terminais.

Bancos de dados especialistas também existem para a identificação de domínios. O domínio NAC em um fator de transcrição NAC pode ser identificado como explicado na seção "definições".

Domínios NAC também podem ser identificados usando técnicas de rotina, tal como por alinhamento de seqüências como explicado na seção "definições" neste lugar.

A invenção também fornece ácidos nucleicos codificando NAC e polipeptídeos NAC até agora desconhecidos.

De acordo com uma forma de realização adicional da presente

invenção, portanto é fornecida uma molécula isolada de ácido nucleico compreendendo:

(i) um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 361, ou SEQ ID NO: 363;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 361, ou SEQ ID NO: 363;

(iii) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo NAC tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364.

De acordo com uma forma de realização adicional da presente invenção, também é fornecido um polipeptídeo isolado compreendendo:

(i) uma seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364;

(ii) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364;

(iii) derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

Ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC definidos neste lugar não precisam ser ácidos nucleicos de comprimento completo, uma vez que desempenho dos métodos da invenção não se pauta no uso de seqüências de ácidos nucleicos de comprimento completo. Exemplos de ácidos nucleicos adequados para uso para realizar os métodos da invenção incluem as seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4, mas não são limitados a tais seqüências. Variantes de ácidos nucleicos também podem ser úteis para praticar os métodos da invenção. Exemplos de tais variantes de ácidos nucleicos incluem porções de ácidos nucleicos codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar, variantes de união de ácidos nucleicos codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar, variantes alélicas de ácidos nucleicos codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar e variantes de ácidos nucleicos codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar que são obtidas por embaralhamento gênico. Os termos porção, variante de união, variante alélica e embaralhamento gênico serão descritos agora.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma porção de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4, ou uma porção de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4.

Porções úteis nos métodos da invenção, codificam um polipeptídeo caindo dentro da definição de um fator de transcrição NAC como definido neste lugar e tendo substancialmente a mesma atividade biológica que o fator de transcrição NAC representado por qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4. A porção é tipicamente de

pelo menos 600 nucleotídeos consecutivos de comprimento, preferivelmente pelo menos 700 nucleotídeos consecutivos de comprimento, mais preferivelmente pelo menos 800 nucleotídeos consecutivos de comprimento e mais preferivelmente pelo menos 900 nucleotídeos consecutivos de comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabelas 3 e 4. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucleico de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58. Preferivelmente, a porção codifica uma seqüência de aminoácidos compreendendo qualquer um ou mais de Motivos I a XI como definido neste lugar.

Uma porção de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar pode ser preparada, por exemplo, fazendo uma ou mais deleções ao ácido nucleico em questão. As porções podem ser usadas em forma isolada ou elas podem ser fusionadas a outras seqüências de codificação (ou não codificantes) a fim de, por exemplo, produzir uma proteína que combina diversas atividades. Quando fusionado a outras seqüências de codificação, o polipeptídeo resultante produzido mediante tradução pode ser maior do que aquele previsto para a porção de fator de transcrição NAC.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é um ácido nucleico capaz de hibridizar, em condições de estringência reduzida, preferivelmente em condições estringentes, com um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar, ou com uma porção como definido neste lugar.

Seqüências hibridizantes úteis nos métodos da invenção, codificam um polipeptídeo tendo um domínio NAC (como descrito acima) e tendo substancialmente a mesma atividade biológica que o fator de

transcrição NAC representado por qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4. A seqüência hibridizante é tipicamente de pelo menos 600 nucleotídeos consecutivos de comprimento, preferivelmente pelo menos 700 nucleotídeos consecutivos de comprimento, mais preferivelmente pelo menos 800 nucleotídeos consecutivos de comprimento e mais preferivelmente pelo menos 900 nucleotídeos consecutivos de comprimento. Preferivelmente, a seqüência hibridizante é uma que é capaz de hibridizar com qualquer dos ácidos nucleicos dados em Tabela 3 e 4, ou com uma porção de qualquer destas seqüências, uma porção sendo como definido acima. Mais preferivelmente, a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com um ácido nucleico como representado por SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58 capaz de hibridizar com uma porção de qualquer das seqüências mencionadas acima. Preferivelmente, a seqüência capaz de hibridizar codifica um polipeptídeo compreendendo qualquer um ou mais de Motivos I a XI como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabelas 3 e 4, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é uma variante de união codificando um fator de transcrição NAC como definido acima.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas,

compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de união de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4, ou uma variante de união de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4.

Variantes de união preferidas são variantes de união de um ácido nucleico representado por qualquer de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58, ou variantes de união codificando ortólogos ou parálogos de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4. Preferivelmente, as variantes de união codificam um polipeptídeo compreendendo qualquer um ou mais de Motivos I a XI como definido neste lugar.

Outra variante de ácido nucleico útil para realizar os métodos da invenção é uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido acima.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabelas 3 e 4, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4.

Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58, ou uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer das SEQ ID NOs mencionadas acima. Preferivelmente, a variante alélica codifica um polipeptídeo compreendendo qualquer um ou mais de Motivos I a XI como definido neste lugar.

Uma variante de ácido nucleico adicional útil nos métodos da invenção é uma variante de ácido nucleico obtida por embaralhamento gênico. Embaralhamento gênico ou evolução dirigida também podem ser usados para gerar variantes de ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC como definido acima.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabelas 3 e 4, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4, cujo ácido nucleico variante é obtido por embaralhamento gênico. Preferivelmente, as variantes obtidas por embaralhamento gênico codificam um polipeptídeo compreendendo qualquer um ou mais de Motivos I a XI como definido neste lugar.

Além disso, variantes de ácidos nucleicos também podem ser obtidas por mutagênese sítio dirigida. Estão disponíveis diversos métodos para atingir mutagênese sítio dirigida, o mais comum sendo métodos baseados em PCR (current protocols in molecular biology. Wiley Eds).

Também úteis nos métodos da invenção são ácidos nucleicos codificando homólogos de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4.

Também úteis nos métodos da invenção são ácidos nucleicos codificando derivados de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 3 ou ortólogos ou parálogos de qualquer das SEQ ID NOs mencionadas acima. Derivados preferidos são derivados das proteínas representadas por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51,SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59.

Além disso, fatores de transcrição NAC (pelo menos em sua forma nativa) tipicamente têm atividade de ligação de DNA e um domínio de ativação. Uma pessoa versada na arte pode determinar facilmente a presença de um domínio de ativação e atividade de ligação de DNA usando ferramentas e técnicas de rotina.

Ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucleico pode ser modificado a partir de sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através de deliberada manipulação humana. Preferivelmente o ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC é de uma planta, ainda preferivelmente de uma monocotiledônea, mais preferivelmente da família *Poaceae*, mais preferivelmente o ácido nucleico é de *Oryza sativa*.

Qualquer referência neste lugar a um fator de transcrição NAC é portanto adotada para significar um fator de transcrição NAC como definido acima. Qualquer ácido nucleico codificando um tal fator de transcrição NAC é adequado para uso para realizar os métodos da invenção.

A presente invenção também abrange plantas ou partes destas (incluindo sem) viáveis pelos métodos de acordo com a presente invenção. As plantas ou partes destas compreendem um transgene de ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido acima.

A invenção também fornece construções genéticas e vetores para facilitar introdução e/ou expressão das seqüências de ácidos nucleicos úteis nos métodos de acordo com a invenção, em uma planta.

Portanto, é fornecida uma construção gênica compreendendo:

i. Qualquer ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido acima;

ii. Uma ou mais seqüências de controle operacionalmente ligadas ao ácido nucleico de (i).

Construções úteis nos métodos de acordo com a presente invenção podem ser construídas usando tecnologia de DNA recombinante bem conhecida por pessoas versadas na arte. As construções gênicas podem ser inseridas em vetores, que podem estar disponíveis comercialmente, adequados para transformação em plantas e adequados para expressão do gene de interesse nas células transformadas. A invenção também fornece uso de uma construção gênica como definido acima nos métodos da invenção.

Plantas são transformadas com um vetor compreendendo a seqüência de interesse (i.e., um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC). O artesão versado é bem ciente dos elementos genéticos que devem estar presentes no vetor a fim de transformar com sucesso, selecionar e propagar células hospedeiras contendo a seqüência de interesse. A seqüência de interesse é operacionalmente ligada a uma ou mais seqüências de controle (pelo menos a um promotor).

De acordo com uma característica preferida da invenção, o ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é operacionalmente ligado a um promotor constitutivo. Um promotor constitutivo é transcricionalmente ativo durante a maioria mas não necessariamente todas as fases de seu crescimento e desenvolvimento e é substancialmente expresso ubiquamente. O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor GOS2, mais preferivelmente o promotor constitutivo é um promotor GOS2 de arroz, ainda preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma seqüência de ácidos nucleicos substancialmente similar a SEQ ID NO: 39 ou SEQ ID NO: 339, mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado por SEQ ID NO: 39 ou SEQ ID NO: 339.

Deve ser claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC representado por SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à

expressão de um tal ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC quando dirigida por um promotor GOS2. Exemplos de outros promotores constitutivos que também podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados em Tabela 2a na seção "definições" neste lugar.

De acordo com outra característica preferida da invenção, o ácido nucleico codificando um fator de transcrição tipo NAC é operacionalmente ligado a um promotor de tecido verde novo específico. Um promotor de tecido verde novo específico como definido neste lugar é um promotor que é transcricionalmente ativo predominantemente em tecido verde novo, substancialmente à exclusão de quaisquer outras partes de uma planta, enquanto que ainda permitindo qualquer expressão evasiva nestas outras partes vegetais. O promotor de tecido verde novo específico é preferivelmente um promotor de protoclorofilida redutase, mais preferivelmente o promotor de protoclorofilida redutase representado por uma seqüência de ácidos nucleicos substancialmente similar a SEQ ID NO: 40, mais preferivelmente o promotor é como representado por SEQ ID NO: 40.

Deve ser claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC representado por SEQ ID NO: 1, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um tal ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC quando dirigida por um promotor de protoclorofilida redutase.

Exemplos de outros promotores tecido verde novo específicos que também podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados em Tabela 2c acima.

De acordo com outra característica preferida da invenção, o ácido nucleico codificando um fator de transcrição tipo NAC é operacionalmente ligado a um promotor específico de raiz (referência interna pro0110). Um promotor específico de raiz como definido neste lugar é um promotor que é transcricionalmente ativo predominantemente em raízes

vegetais, substancialmente para a exclusão de quaisquer outras partes de uma planta, enquanto que ainda permitindo qualquer expressão evasiva nestas outras partes vegetais. O promotor específico de raiz é preferivelmente um promotor RCc3 (Plant Mol Biol. 1995 Jan;27(2):237-48), mais preferivelmente o promotor RCc3 é de arroz, ainda preferivelmente o promotor RCc3 é representado por uma seqüência de ácidos nucleicos substancialmente similar a SEQ ID NO: 110, mais preferivelmente o promotor é como representado por SEQ ID NO: 110.

Deve ser claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC representado por SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56 ou SEQ ID NO: 58, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um tal ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC quando dirigida por um promotor RCc3.

Exemplos de outros promotores raiz específicos que também podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados em Tabela 2b acima.

Opcionalmente, uma ou mais seqüências terminadoras podem ser usadas na construção introduzida em uma planta. Elementos reguladores adicionais podem incluir acentuadores transcricionais assim como traducionais. Aqueles versados na arte estarão cientes de seqüências terminadoras e acentuadoras que podem ser adequadas para uso para realizar a invenção. Uma seqüência intrônica também pode ser adicionada à região 5' não traduzida (UTR) ou na seqüência de codificação para aumentar a quantidade da mensagem madura que se acumula no citosol, como descrito na seção de definições. Outras seqüências de controle (além de promotor, acentuador, silenciador, seqüências intrônicas, regiões 3'UTR e/ou 5'UTR) podem ser proteína e/ou elementos estabilizantes de RNA. Tais seqüências devem ser conhecidas ou podem ser prontamente obtidas por uma pessoa

versada na arte.

As construções genéticas da invenção podem incluir adicionalmente uma seqüência de origem de replicação que é requerida para manutenção e/ou replicação em um tipo de célula específico. Um exemplo é quando é requerido que uma construção genética seja mantida em uma célula bacteriana como um elemento genético episssomal (e.g. molécula de plasmídeo ou cosmídeo). Origens de replicação preferidas incluem, mas não são limitadas a, a f1-ori e colE1. A construção genética pode opcionalmente compreender um gene marcador selecionável. Marcadores selecionáveis são descritos em mais detalhe na seção "definições" neste lugar. Os genes marcadores podem ser removidos ou excisados da célula transgênica uma vez que eles não sejam mais necessários. Técnicas para remoção de marcador são conhecidas na arte, técnicas úteis são descritas acima na seção de definições.

A invenção também fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle, compreendendo introdução e expressão em uma planta de qualquer ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido acima.

Mais especificamente, a presente invenção fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas, cujo método compreende:

i. introduzir e expressar um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC (como definido neste lugar) em uma célula vegetal; e

ii. cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

O ácido nucleico pode ser introduzido diretamente em uma célula vegetal ou na própria planta (incluindo introdução em um tecido, órgão ou qualquer outra parte de uma planta). De acordo com uma característica

preferida da presente invenção, o ácido nucleico é preferivelmente introduzido em uma planta por transformação.

As células vegetais geneticamente modificadas podem ser regeneradas através de todos os métodos com os quais o trabalhador versado é familiar. Métodos adequados podem ser encontrados nas publicações mencionadas acima por S.D. Kung e R. Wu, Potrykus ou Höfgen e Willmitzer.

Geralmente depois de transformação, células vegetais ou agrupamentos celulares são selecionados para a presença de um ou mais marcadores que são codificados por genes exprimíveis em plantas co-transferidos com o gene de interesse, seguindo o que o material transformado é regenerado em uma planta inteira. Para selecionar plantas transformadas, o material vegetal obtido na transformação é, como uma regra, sujeito a condições seletivas de forma que plantas transformadas podem ser distinguidas de plantas não transformadas. Por exemplo, as sementes obtidas da maneira descrita acima podem ser plantadas e, depois de um período inicial de crescimento, sujeitas a uma seleção adequada por pulverização. Uma possibilidade adicional consiste em cultivar as sementes, se apropriado depois de esterilização, em placas de ágar usando um agente de seleção adequado de forma que apenas as sementes transformadas podem crescer até plantas. Alternativamente, as plantas transformadas são triadas para a presença de um marcador selecionável tal como aqueles descritos acima.

Seguindo transferência de DNA e regeneração, plantas putativamente transformadas também podem ser avaliadas, por exemplo usando análise Southern, para a presença do gene de interesse, número de cópias e/ou organização genômica. Alternativamente ou adicionalmente, níveis de expressão do DNA recentemente introduzido podem ser monitorados usando análise Northern e/ou Western, ambas as técnicas sendo bem conhecidas por pessoas tendo habitual verso na arte.

As plantas transformadas geradas podem ser propagadas por uma variedade de maneiras, tal como por propagação clonal ou técnicas clássicas de melhoramento. Por exemplo, uma planta transformada de primeira geração (ou T1) pode ser autofecundada e transformantes homozigotos de segunda geração (ou T2) selecionados, e as plantas T2 podem ser então adicionalmente propagadas através de técnicas clássicas de melhoramento. Os organismos transformados gerados podem adotar uma variedade de formas. Por exemplo, eles podem ser quimeras de células transformadas e células não transformadas; transformantes clonais (e.g., todas as células transformadas para conter o cassete de expressão); enxertos de tecidos transformados e não transformados (e.g., em plantas, um rizoma transformado enxertado em uma prole não transformada).

A presente invenção claramente se estende a qualquer célula vegetal ou planta produzida por qualquer dos métodos descritos neste lugar, e a todas as partes vegetais e propágulos destas. A presente invenção se estende adicionalmente para abranger a progênie de uma célula, tecido, órgão ou planta inteira primária transformada ou transfectada que foi produzida por qualquer dos métodos mencionados acima, o único requerimento sendo que a progênie exiba a(s) mesmas(s) característica(s) genotípica(s) e/ou fenotípica(s) que aquelas produzidas pelo ancestral nos métodos de acordo com a invenção.

A invenção também inclui células hospedeiras contendo um ácido nucleico isolado codificando um fator de transcrição NAC como definido acima. Células hospedeiras preferidas de acordo com a invenção são células vegetais.

A invenção também se estende a partes aptas para corte de uma planta tal como, mas não limitado a sementes, folhas, frutos, flores, caules, rizomas, tubérculos e bulbo. A invenção além disso se refere a produtos derivados, preferivelmente diretamente derivados, de uma parte apta

para corte de uma tal planta, tal como pelotas ou pós secos, óleo, gordura e ácidos graxos, amido ou proteínas.

De acordo com uma característica preferida da invenção, a expressão modulada é expressão aumentada. Métodos para aumentar expressão de ácidos nucleicos ou genes, ou produtos gênicos, são bem documentados na arte. Exemplos de métodos para aumentar expressão são dados na seção "definições" neste lugar.

Como mencionado acima, um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC; entretanto os efeitos de realizar o método, i.e. melhorar características relacionadas a rendimento também pode ser atingido usando outras técnicas bem conhecidas, tal como ativação de T-DNA, TILLING, recombinação homóloga ou evolução dirigida. Uma descrição de algumas destas técnicas é dada na seção "definições" neste lugar.

De acordo com uma característica preferida da presente invenção, desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo uma taxa de crescimento aumentada em relação a plantas de controle, particularmente durante os estágios iniciais de desenvolvimento vegetal (tipicamente três semanas após germinação no caso de arroz e milho, mas isto irá variar de espécie para espécie) levando a vigor precoce. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar a taxa de crescimento de plantas, cujo método compreende modular expressão, preferivelmente aumentar expressão, em uma planta de um ácido nucleico codificando um tipo particular de fator de transcrição NAC, como definido neste lugar. A presente invenção também fornece um método para obter plantas tendo vigor precoce em relação a plantas de controle, cujo método compreende modular, preferivelmente aumentar, expressão em uma planta de

um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC como definido neste lugar.

Vigor precoce também pode resultar de ou ser manifestado como aptidão vegetal aumentada em relação a plantas de controle, por exemplo, devido às plantas serem mais bem adaptadas a seu ambiente (i.e. sendo mais capazes de lidar com vários fatores de estresse abiótico ou biótico). Plantas tendo vigor precoce também mostram melhor estabelecimento da cultura (com a cultura crescendo de maneira uniforme, i.e. com a maioria das plantas atingindo os vários estágios de desenvolvimento substancialmente ao mesmo tempo), e mostram melhor crescimento e freqüentemente melhor rendimento. Vigor precoce pode ser determinado medindo vários fatores, tal como taxa de crescimento de plântula, peso de mil sementes, porcentagem de germinação, porcentagem de emergência, altura de plântula, comprimento de raiz e biomassa de parte aérea e muito mais.

Desempenho dos métodos da invenção gera rendimento aumentado de plantas cultivadas em condições de não estresse ou em condições de seca branda em relação a plantas de controle cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de não estresse ou em condições de seca branda, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, particularmente em condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação a plantas de controle cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico

codificando um polipeptídeo POI. Deficiência de nutrientes pode resultar de uma carência de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

No caso de uso nos métodos da invenção de ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC4 (por exemplo, SEQ ID NO: 52) e próprios fatores de transcrição NAC4 (por exemplo SEQ ID NO: 53), um aumento em rendimento e/ou rendimento de sementes e/ou taxa de crescimento foi encontrado ocorrendo em plantas cultivadas em condições substancialmente de não estresse e em condições de estresse comparadas com plantas de controle.

Um "fator de transcrição NAC4" como definido neste lugar se refere a qualquer seqüência de aminoácidos que quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo uma seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 53 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

O fator de transcrição NAC4 também pode compreender Motivo XI: DSMPRLHADSSCSE, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo XI.

Motivo XI é preferivelmente DS M/V/I P R/K L/I/A H T/A/S D/E SS C/G SE.

Motivo XI é tipicamente encontrado em NACs de SEQ ID NO: 53 e SEQ ID NO: 55 e em agrupamento de NACs (em uma árvore filogenética) com os NACs representados pelas SEQ ID NOs mencionadas acima ao invés de com qualquer outro grupo de NAC. Motivo XI pode compreender uma ou mais substituição conservativa de aminoácidos em qualquer posição.

Plantas tipicamente respondem a exposição a estresse crescendo mais lentamente. Em condições de estresse severo, a planta pode até parar de crescer no geral. Estresse brando por outro lado é definido neste lugar como sendo qualquer estresse ao qual uma planta é exposta que não resulta em parada de crescimento de planta no geral sem a capacidade de retomar crescimento. 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 em condições de não estresse. Devido a avanços em práticas agrícolas (irrigação, fertilização, tratamentos com pesticidas) estresses severos não são freqüentemente encontrados em plantas cultiváveis cultivadas. Como uma conseqüência, o crescimento comprometido induzido por estresse brando freqüentemente é uma característica indesejável para agricultura. Estresses brandos são os estresses típicos aos quais uma planta pode ser exposta. Estes estresses podem ser os estresses (ambientais) bióticos e/ou abióticos do dia-a-dia aos quais uma planta é exposta. Estresses abióticos ou ambientais típicos incluem estresses por temperatura causados por temperaturas quentes ou frias/congelantes atípicas; estresse salino; estresse hídrico (seca ou água em excesso), estresse anaeróbico, toxicidade química e estresse oxidativo. O estresse abiótico pode ser um estresse osmótico causado por um estresse hídrico (particularmente devido à seca), estresse salino, estresse oxidativo ou um estresse iônico. Produtos químicos também podem causar estresses abióticos (por exemplo concentrações muito altas ou muito baixas de minerais ou nutrientes). Estresses bióticos são tipicamente aqueles estresses causados por patógenos, tal como bactérias, vírus, fungos e insetos. O termo "condições de não estresse" como usado neste lugar são aquelas condições ambientais que não ficam significantemente além das condições climáticas e outras abióticas do dia-a-dia que plantas

podem encontrar, e que permitem crescimento ótimo da planta. Pessoas versadas na arte estão cientes de condições de solo e condições climáticas normais para uma dada localização geográfica.

Estresse abiótico leva a uma série de mudanças morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e moleculares que afetam adversamente crescimento e produtividade vegetal (Wang *et al.* (Planta (2003) 218: 1-14). Seca, salinidade, temperaturas extremas e estresse oxidativo são conhecidos por serem interconectados e podem induzir prejuízo de crescimento e celular através de mecanismos similares. Por exemplo, seca e/ou salinização são manifestadas primariamente como estresse osmótico, resultando na ruptura de homeostase e distribuição iônica na célula. Estresse oxidativo, que freqüentemente acompanha temperatura alta ou baixa, salinidade ou estresse por seca, pode causar desnaturação de proteínas funcionais e estruturais. Como uma conseqüência, estes diversos estresses ambientais freqüentemente ativam vias de sinalização celular e respostas celulares similares, tal como a produção de proteínas de estresse, aumento de antioxidantes, acumulação de solutos compatíveis e suspensão de crescimento.

Uma vez que diversos estresses ambientais ativam vias similares, a exemplificação da presente invenção com estresse por seca (no caso de uso de ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC4, e próprios fatores de transcrição NAC4, nos métodos da invenção) não deve ser vista como uma limitação a estresse por seca, mas mais como um crivo para indicar o envolvimento de ácidos nucleicos codificando NAC4 e fatores de transcrição NAC4 em estresses abióticos em geral. Além disso, os métodos da presente invenção podem ser realizados em condições de não estresse ou em condições de seca branda para gerar plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas (particularmente produção aumentado e rendimento de sementes) em relação a plantas de controle.

Um grau particularmente alto de "interferência" é relatado

entre estresse por seca e estresse por alta salinidade (Rabbani *et al.* (2003) Plant Physiol 133: 1755-1767). Por exemplo, seca e/ou salinização são manifestadas primariamente como estresse osmótico, resultando na ruptura de homeostase e distribuição iônica na célula. Portanto, deve ser visível que ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC4, e próprios fatores de transcrição NAC4, junto com sua utilidade em conferir tolerância à seca em plantas, também devem encontrar uso para proteger a planta contra vários outros estresses osmóticos. Similarmente, deve ser visível que ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC4, e próprios fatores de transcrição NAC4, junto com sua utilidade em conferir tolerância a sal em plantas, a também devem encontrar uso para proteger a planta contra vários outros estresses abióticos. Além disso, estresse oxidativo, que freqüentemente acompanha temperatura alta ou baixa, salinidade ou estresse por seca, pode causar desnaturação de proteínas funcionais e estruturais. Como uma conseqüência, estes diversos estresses ambientais freqüentemente ativam vias de sinalização celular e respostas celulares similares, tal como a produção de proteínas de estresse, aumento de antioxidantes, acumulação de solutos compatíveis e suspensão de crescimento. Além disso, Rabbani *et al.* (2003, Plant Physiol 133: 1755-1767) relatam que mecanismos moleculares similares de tolerância e resposta a estresse existem entre dicotiledôneas e monocotiledôneas. Os métodos da invenção são portanto vantajosamente aplicáveis a qualquer planta.

O termo "estresse abiótico" como definido neste lugar é adotado para significar qualquer um ou mais de: estresse hídrico (devido à seca ou água em excesso), estresse anaeróbico, estresse salino, estresse de nutriente, estresse de temperatura (devido a temperaturas quentes, frias ou congelantes), estresse por toxicidade química e estresse oxidativo. De acordo com um aspecto da invenção, o estresse abiótico é um estresse osmótico, selecionado a partir de estresse hídrico, estresse salino, estresse oxidativo e

estresse iônico. Preferivelmente, o estresse hídrico é estresse por seca. O termo estresse salino não é restrito a sal comum (NaCl), mas pode ser qualquer um ou mais de: NaCl, KCl, LiCl, $MgCl_2$, $CaCl_2$, sais de fósforo, entre outros. Estresse de nutriente pode ser causado por uma carência ou excesso de nutrientes tais como nitrogênio, fosfatos e outros compostos contendo fósforo, potássio, cálcio, cádmio, magnésio, manganês, ferro e boro, entre outros.

Tolerância aumentada a estresse abiótico é manifestada por rendimento vegetal aumentado em condições de estresse abiótico como definido acima. Enquanto que a invenção se relaciona ao uso de fatores de transcrição NAC4 e seus ácidos nucleicos codificantes, tal rendimento aumentado pode incluir um ou mais dos seguintes: comprimento de semente aumentado, peso de semente aumentado, biomassa acima da terra aumentada, altura vegetal aumentada, biomassa de raiz aumentada, número aumentado de flores por panícula e número aumentado de panículas primárias, cada um em relação a plantas de controle.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas cultivadas em condições de estresse abiótico em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC4. De acordo com um aspecto da invenção, o estresse abiótico é estresse osmótico, selecionado a partir de um ou mais dos seguintes: estresse hídrico, estresse salino, estresse oxidativo, estresse de nutriente e estresse iônico. Preferivelmente, o estresse hídrico é estresse por seca.

Os métodos da invenção são vantajosamente aplicáveis a qualquer planta.

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 de forragem, plantas ornamentais, cultivos alimentares, árvores ou arbustos. De acordo com uma forma de realização preferida da presente invenção, a planta é uma planta cultivável. Exemplos de plantas cultiváveis incluem soja, girassol, canola, alfafa, colza, algodão, tomate, batata e tabaco. Ainda preferivelmente, a planta é uma planta monocotiledônea. Exemplos de plantas monocotiledôneas incluem cana-de-açúcar. Mais preferivelmente a planta é um cereal. Exemplos de cereais incluem arroz, milho, trigo, cevada, milheto, triticale, centeio, sorgo e aveia. Plantas nas quais vigor precoce é uma característica particularmente desejável incluem arroz, milho, trigo, girassol, sorgo.

A presente invenção também abrange uso de ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC e uso de polipeptídeos de fatores de transcrição NAC para melhorar características relacionadas a rendimento.

Ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC ou próprios fatores de transcrição NAC, podem encontrar uso em programas de melhoramento nos quais é identificado um marcador de DNA que pode ser geneticamente ligado a um gene codificando fator de transcrição NAC. Os ácidos nucleicos/genes, ou os próprios fatores de transcrição NAC podem ser usados para definir um marcador molecular. Este marcador de DNA ou proteína pode então ser usado em programas de melhoramento para selecionar plantas tendo rendimento acentuado como definido acima nos métodos da invenção.

Variantes alélicas de ácidos nucleicos/genes codificando fator de transcrição NAC também podem encontrar uso em programas de melhoramento auxiliados por marcador. Tais programas de melhoramento algumas vezes requerem introdução de variação alélica por tratamento mutagênico das plantas, usando por exemplo mutagênese EMS; alternativamente, o programa pode começar com uma coleção de variantes

alélicas de assim chamada origem "natural" causadas não intencionalmente. Identificação de variantes alélicas então ocorre, por exemplo, por PCR. Isto é seguido por uma etapa para seleção de variantes alélicas superiores da seqüência em questão e que geram rendimento aumentado. Seleção tipicamente é realizada monitorando desempenho de crescimento de plantas contendo diferentes variantes alélicas da seqüência em questão. Desempenho de crescimento pode ser monitorado em uma casa de vegetação ou no campo. Etapas opcionais adicionais incluem cruzar plantas nas quais a variante alélica superior foi identificada com outra planta. Isto pode ser usado, por exemplo, para fazer uma combinação de características fenotípicas interessantes.

Ácidos nucleicos codificando fatores de transcrição NAC também podem ser usados como sondas para mapear geneticamente e fisicamente os genes dos quais elas são uma parte de, e como marcadores para características ligadas a tais genes. Tal informação pode ser útil em melhoramento vegetal a fim de desenvolver linhagens com fenótipos desejados. Tal uso de ácidos nucleicos codificando fator de transcrição NAC requer apenas uma seqüência de ácidos nucleicos de pelo menos 15 nucleotídeos de comprimento. Os ácidos nucleicos codificando fator de transcrição NAC podem ser usados como marcadores de polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP). Southern blots (Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de DNA genômico vegetal digerido por restrição podem ser sondados com os ácidos nucleicos codificando fator de transcrição NAC. O padrão de bandeamento resultante pode então ser sujeito a análises genéticas usando programas computacionais tal como MapMaker (Lander *et al.* (1987) Genomics 1: 174-181) a fim de construir um mapa genético. Em adição, os ácidos nucleicos podem ser usados para sondar Southern blots contendo DNAs genômicos tratados com endonuclease de restrição de um conjunto de indivíduos representando ancestral e progênie de um cruzamento genético

definido. Segregação dos polimorfismos de DNA é observada e usada para calcular a posição do ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC no mapa genético previamente obtido usando esta população (Botstein *et al.* (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

A produção e uso de sondas derivadas de genes vegetais para uso em mapeamento genético é descrita em Bematzky e Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicações descrevem mapeamento genético de clones específicos de cDNA usando a metodologia descrita acima ou variações desta. Por exemplo, populações de intercruzamento de F2, populações endocruzadas, populações cruzadas aleatoriamente, linhagens isogênicas próximas, e outros conjuntos de indivíduos podem ser usados para mapeamento. Tais metodologias são bem conhecidas por aqueles versados na arte.

As sondas de ácido nucleico também podem ser usadas para mapeamento físico (i.e., alocação de seqüências em mapas físicos; veja Hoheisel *et al. In*: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, e referências citadas neste).

Em outra forma de realização, as sondas de ácido nucleico podem ser usadas em mapeamento direto por hibridização in situ por fluorescência (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Embora métodos atuais de mapeamento por FISH favoreçam uso de clones grandes (diversos kb a diversas centenas de kb; veja Laan *et al.* (1995) Genome Res. 5:13-20), melhoras em sensibilidade podem permitir desempenho de mapeamento por FISH usando sondas menores.

A presente invenção fornece adicionalmente um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2.

Um método preferido para modular (preferivelmente,

aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2.

O termo "polipeptídeo AP2-2" como definido neste lugar se refere a um fator de transcrição que classifica como uma proteína ERF, e mais particularmente como um membro de Grupo VII das proteínas ERF, de acordo com a definição por Nakano et al. (2006). Grupo VII de proteínas ERF é, além da presença de um único domínio AP2/ERF, que é parte de todas as proteínas ERF, também caracterizado por outros motivos, tal como CMVII-1 a CMVII-8 (Nakano et al., 2006). Estes motivos CMVII foram delineados baseado em análise de seqüências de *Arabidopsis thaliana* e *Oryza sativa* e são parte das seqüências de *Arabidopsis* e/ou arroz (Figura 2), mas também podem estar presentes em proteínas ERF de Grupo VII de outras espécies.

O polipeptídeo AP2-2 útil nos métodos da presente invenção compreende a seqüência conservada Motivo XII (SEQ ID NO: 133):
(R/I/V/L/K)(R/K/Q/D/E/A)(I/L)(R/Y/H)G(A/S/R/K/T/D/G/H/L/N)(K/T/R/N/G)A(K/R/E)(V/L/P/T)NF(P/V)
Preferivelmente, motivo XII é
(R/I/K)(R/K/Q/D/A)(I/L)(R/Y/H)G(A/S/R/K/T/D/E/G/H/L/N)(K/T/R/N/G)A(K/R/E)(V/L/P/T)NF(P/V/A)

Preferivelmente, o polipeptídeo AP2-2 útil nos métodos da presente invenção além disso também compreende um ou mais dos seguintes motivos:
Motivo XIII (SEQ ID NO: 134):
MCGG(A/S)(I/V/L)(I/L)(S/H/A/Y/G/P/E)(D/G/H/Y/E/Q/N)

Preferivelmente, motivo XIII é MCGG(A/S)I(I/L)(S/H/A/Y)(D/G/H/Y/E)

Mais preferivelmente motivo XIII é MCGG(A/S)I(I/L)(S/H)(D/G/H/E)

Motivo XIV (SEQ ID NO: 135)

(K/N/R/S/H/M/Q/P/A/E)(R/K/H/A/G/E/V/P/M)(E/K/A/R/S/Q/T/V/G/H/P)(R/K/Q/S/G)(K/G/P/S/R/T/A/N)(T/N/R/S/A/Y/H/G)(L/Q/H/V/R/K/A/P/G)(Y/F)(R/W/K/L/M)G(I/V)(R/Q/H)(R/Q/W/K)R(P/K/T)

Preferivelmente, motivo XIV é:

(K/N/R/S/H/M)(R/K/H/A/G/E/V/P)(E/K/A/R/S/Q)(R/K/Q/S)(K/G/P/S/R/T)(T/N/R/S/A/Y/H/G)(L/Q/H/V/R/K/A/P/G/F/I)(Y/F/L)(R/W/K/L/M/H)G(I/V)(R/Q/H)(R/Q/W/K)R(P/K/T)

Mais preferivelmente, motivo XIV é:

(K/N/R/S)(R/K/H)(E/K/A/R)(R/K/Q)(K/G/P/S)(T/N/R/S/A)(L/Q/H/V/R/K)(Y/F)(R/W/K)G(I/V)R(R/Q)RP

Mais preferivelmente, motivo XIV é:

(K/N)(R/H)KRKNQ(Y/F)RGIRQRP

Motivo XV (SEQ ID NO: 136):

SD(Q/T/E/V)(G/S)SNSF(G/D/E/S/N)(C/S)S(D/E)(F/Y/L)(G/S)(W/Q/L)(E/G/S)(N/E/D)

Preferivelmente, motivo XV é:

SD(Q/T)(G/S/A)SNS(F/I)(G/D)(C/S)S(D/E)F(G/S)(W/Q/L)(E/S)(N/D)

Motivo XVI (SEQ ID NO: 137):

(L/I/F/M)W(S/T/N/M)(F/Y/L/I)(D/E/Q/G)(N/D/H/E)(I/Y/F/S/M/L/V/D/H/N/E/G)

Preferivelmente, motivo XVI é

(L/I/M)W(S/T/M)(F/Y/L/I)(D/E/Q/G)(N/D/E)(I/Y/F/S/M/L/V/D)

Mais preferivelmente, motivo XVI é

(L/I/M)W(S/M)(F/L/I)D(D/E)(I/M/L/V)

Motivo XVII (SEQ ID NO: 138):

(D/E/S)(F/A/W/D)(E/A)(A/D/L)(D/A/G/E)(F/G/L)(N/E/R/G/Q/W)(E/G/V/D/R)F(E/K/V/Y/G/D/L/I)(V/R/D/S/N/A/E)(D/G/T/E/R/A/Y/L/F)

Preferivelmente, motivo XVII é

(D/E/S)(F/A/W/D)(E/A)(A/D)(D/A)(F/G)(E/R/Q/W)(E/G/D/R)F(E/K/Y/G/D/L/I)(V/R/D/S/N/A/E)(D/G/T/E/R)

Ainda preferivelmente, motivo XVII é (D/E/S)(F/A)(E/A)(A/D)(D/A)F(E/R/Q/W)(E/G/D/R)F(E/K/Y/G/D)(V/R/D/S/N)(D/G/T/E)

Mais preferivelmente, motivo XVII é (D/E/S)(F/A)(E/A)(A/D)DF(E/R/Q/W)(E/G)F(E/K/Y)(V/R/D/S)(D/G/T)

Mais preferivelmente, motivo XVII é (D/E)FEADF(E/R/Q)EF(E/K)(V/R/D)(D/G)

Estes motivos foram derivados principalmente de seqüências de *Arabidopsis* e arroz, portanto, uma ou mais substituições conservadas são permitidas nestes motivos para seqüências de AP2-2 de outras espécies vegetais.

Além disso, polipeptídeos AP2-2 (pelo menos em sua forma nativa) podem ter atividade de ligação de DNA. Ferramentas e técnicas para medir atividade de ligação de DNA são bem conhecidas na arte.

Os termos "domínio" e "motivo" são definidos na seção "definições" neste lugar. Bancos de dados especialistas existem para a identificação de domínios. Exemplos são dados na seção "definições" neste lugar.

Análise da seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 132 no banco de dados SMART, revelou haver um domínio AP2 (SMART entrada SM00380, Fig. 2). Este domínio é específico de planta e é conhecido por desempenhar um papel em interações proteína-DNA (se liga à caixa GCC, essencial para a resposta a etileno).

A presente invenção é ilustrada transformando plantas com a seqüência de ácidos nucleicos representada por SEQ ID NO: 131, codificando a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 132. Entretanto, desempenho da invenção não é restrito a estas seqüências; os métodos da invenção podem ser

vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucleico codificando AP2-2 ou polipeptídeos AP2-2 como definido neste lugar.

Exemplos de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 são dados em Tabela 14 de Exemplo 9 neste lugar. Tais ácidos nucleicos são úteis para realizar os métodos da invenção. As seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9 são seqüências exemplares de ortólogos e parálogos dos polipeptídeos AP2-2 representados por SEQ ID NO: 132, os termos "ortólogos" e "parálogos" sendo como definido neste lugar. Ortólogos e parálogos adicionais podem ser prontamente identificados realizando uma assim chamada busca blast recíproca.

A invenção também fornece ácidos nucleicos codificando AP2-2 e polipeptídeos AP2-2 até agora desconhecidos.

De acordo com uma forma de realização adicional da presente invenção, portanto é fornecida uma molécula isolada de ácido nucleico compreendendo:

(i) um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 343, ou SEQ ID NO: 345;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 343, ou SEQ ID NO: 345;

(iii)um ácido nucleico codificando um polipeptídeo POI tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346.

De acordo com uma forma de realização adicional da presente invenção, também é fornecido um polipeptídeo isolado compreendendo:

(i) uma seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346;

(ii) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente

de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346;

(iii)derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

Variantes de ácidos nucleicos também podem ser úteis para praticar os métodos da invenção. Exemplos de tais variantes incluem ácidos nucleicos codificando homólogos e derivados de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, os termos "homólogo" e "derivado" sendo como definidos neste lugar. Também úteis nos métodos da invenção são ácidos nucleicos codificando homólogos e derivados de ortólogos ou parálogos de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Homólogos e derivados úteis nos métodos da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica e funcional que a proteína não modificada da qual eles são derivados.

Variantes de ácidos nucleicos adicionais úteis para praticar os métodos da invenção incluem porções de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2, ácidos nucleicos hibridizando com ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2, variantes de união de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2, variantes alélicas de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 e variantes de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 obtidas por embaralhamento gênico. Os termos seqüência hibridizante, variante de união, variante alélica e embaralhamento gênico são como descritos neste lugar.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 não precisam ser ácidos nucleicos de comprimento completo, uma vez que desempenho dos métodos da invenção não se pauta no uso de seqüências de ácidos nucleicos de comprimento completo. De acordo com a presente

invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma porção de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, ou uma porção de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9.

Uma porção de um ácido nucleico pode ser preparada, por exemplo, fazendo uma ou mais deleções ao ácido nucleico. As porções podem ser usadas em forma isolada ou elas podem ser fusionadas a outras seqüências de codificação (ou não codificantes) a fim de, por exemplo, produzir uma proteína que combina diversas atividades. Quando fusionado a outras seqüências de codificação, o polipeptídeo resultante produzido mediante tradução pode ser maior do que aquele previsto para a porção protéica.

Porções úteis nos métodos da invenção, codificam um polipeptídeo AP2-2 como definido neste lugar, e têm substancialmente a mesma atividade biológica que as seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 14 de Exemplo 9, ou é uma porção de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Preferivelmente a porção é, em ordem crescente de preferência de pelo menos 600, 800, 900 ou 1000 nucleotídeos consecutivos de comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, ou de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucleico de SEQ ID NO: 131. Preferivelmente, a porção codifica uma seqüência de aminoácidos compreendendo (qualquer um ou mais dos domínios ou motivos definidos neste lugar). Preferivelmente,

a porção codifica uma seqüência de aminoácidos que, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos AP2-2 compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 132 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é um ácido nucleico capaz de hibridizar, em condições de estringência reduzida, preferivelmente em condições estringentes, com um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido neste lugar, ou com uma porção como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 14 de Exemplo 9, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9.

Seqüências hibridizantes úteis nos métodos da invenção codificam um polipeptídeo AP2-2 como definido neste lugar, e têm substancialmente a mesma atividade biológica que as seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Preferivelmente, a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 14 de Exemplo 9, ou com uma porção de qualquer destas seqüências, uma porção sendo como definido acima, ou caracterizado pelo fato de que a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9. Mais preferivelmente, a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com um ácido nucleico como representado por SEQ ID NO: 131 ou com uma porção deste.

Preferivelmente, a seqüência hibridizante codifica uma seqüência de aminoácidos compreendendo qualquer um ou mais dos motivos ou domínios como definido neste lugar. Preferivelmente, a seqüência hibridizante codifica uma seqüência de aminoácidos que, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos AP2-2 compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 132 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é uma variante de união codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido acima, uma variante de união sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de união de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, ou uma variante de união de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9.

Variantes de união preferidas são variantes de união de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 131, ou uma variante de união de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de SEQ ID NO: 132. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pela variante de união compreende qualquer um ou mais dos motivos ou domínios como definido neste lugar. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pela variante de união, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos AP2-2 compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 132 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil para realizar os métodos da invenção é uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um

polipeptídeo AP2-2 como definido acima, uma variante alélica sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 14 de Exemplo 9, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9.

As variantes alélicas úteis nos métodos da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica que o polipeptídeo AP2-2 de SEQ ID NO: 132 e qualquer dos aminoácidos apresentados em Tabela 14 de Exemplo 9. Variantes alélicas existem na natureza, e abrangido dentro dos métodos da presente invenção é o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica de SEQ ID NO: 131 ou uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de SEQ ID NO: 132. Preferivelmente, o aminoácido codificado pela variante alélica compreende qualquer um ou mais dos motivos ou domínios como definido neste lugar. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pela variante alélica, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos AP2-2 compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 132 ao invés de com qualquer outro grupo.

Embaralhamento gênico ou evolução dirigida também podem ser usados para gerar variantes de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 como definido acima; o termo "embaralhamento gênico" sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas,

compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 14 de Exemplo 9, cujo ácido nucleico variante é obtido por embaralhamento gênico.

Preferivelmente, o ácido nucleico variante obtido por embaralhamento gênico codifica uma seqüência de aminoácidos compreendendo qualquer um ou mais dos motivos ou domínios como definido neste lugar. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pelo ácido nucleico variante obtido por embaralhamento gênico, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos AP2-2 compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 132 ao invés de com qualquer outro grupo.

Além disso, variantes de ácidos nucleicos também podem ser obtidas por mutagênese sítio dirigida. Estão disponíveis diversos métodos para atingir mutagênese sítio dirigida, o mais comum sendo métodos baseados em PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucleico pode ser modificado a partir de sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através de deliberada manipulação humana. Preferivelmente o ácido nucleico codificando polipeptídeo AP2-2 é de uma planta, ainda preferivelmente de uma planta dicotiledônea, mais preferivelmente da família Poaceae, mais preferivelmente do gênero *Oryza,* mais preferivelmente de *Oryza sativa.*

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas. Em particular, desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo rendimento

aumentada, especialmente rendimento de sementes aumentada em relação a plantas de controle. Os termos "rendimento" e "rendimento de sementes" são descritos em mais detalhe na seção "definições" neste lugar. Entretanto deve ser observado que o termo "características relacionadas a rendimento" não abrange o conteúdo de metabólitos de células vegetais e que as características relacionadas a rendimento melhoradas não são o resultado de resistência aumentada a estresse.

A presente invenção fornece um método para aumentar rendimento, especialmente rendimento de sementes de plantas, em relação a plantas de controle, cujo método compreende modular expressão, preferivelmente aumentar expressão, em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido neste lugar.

De acordo com uma característica preferida da presente invenção, desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo uma taxa de crescimento aumentada em relação a plantas de controle. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar a taxa de crescimento de plantas, cujo método compreende modular expressão, preferivelmente aumentar expressão, em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido neste lugar.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas cultivadas em condições de não estresse ou em condições de seca branda rendimento aumentado em relação a plantas de controle adequadas cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de não estresse, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, particularmente em condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação a plantas de

controle cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo POI. Deficiência de nutrientes pode resultar de uma carência 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) viáveis pelos métodos de acordo com a presente invenção. As plantas ou partes destas compreendem um transgene de ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido acima.

A invenção também fornece construções genéticas e vetores para facilitar introdução e/ou expressão em plantas de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2. As construções gênicas podem ser inseridas em vetores, que podem estar disponíveis comercialmente, adequados para transformação em plantas e adequados para expressão do gene de interesse nas células transformadas. A invenção também fornece uso de uma construção gênica como definido neste lugar nos métodos da invenção.

Mais especificamente, a presente invenção fornece uma construção compreendendo:

(a) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido acima;

(b) uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(c) uma seqüência de terminação de transcrição.

Os termos "seqüência de controle" e "seqüência de terminação" são como definidos neste lugar.

Plantas são transformadas com um vetor compreendendo

qualquer dos ácidos nucleicos descrito acima. O artesão versado é bem ciente dos elementos genéticos que devem estar presentes no vetor a fim de transformar com sucesso, selecionar e propagar células hospedeiras contendo a seqüência de interesse. A seqüência de interesse é operacionalmente ligada a uma ou mais seqüências de controle (pelo menos a um promotor).

Vantajosamente, qualquer tipo de promotor pode ser usado para dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos. Um promotor constitutivo é particularmente útil nos métodos da invenção, preferivelmente o promotor constitutivo é um promotor constitutivo forte. Deve ser claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucleico codificando polipeptídeo AP2-2 representado por SEQ ID NO: 131, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um ácido nucleico codificando polipeptídeo AP2-2 quando dirigida por um promotor constitutivo.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor GOS2, mais preferivelmente o promotor GOS2 de arroz. Veja Tabela 2a na seção "definições" neste lugar para exemplos adicionais de promotores constitutivos.

Outras seqüências de controle (além de promotor, acentuador, silenciador, seqüências intrônicas, regiões 3'UTR e/ou 5'UTR) podem ser proteína e/ou elementos estabilizantes de RNA. Tais seqüências devem ser conhecidas ou podem ser prontamente obtidas por uma pessoa versada na arte.

As construções genéticas da invenção podem incluir adicionalmente uma seqüência de origem de replicação que é requerida para manutenção e/ou replicação em um tipo de célula específico. Um exemplo é quando é requerido que uma construção genética seja mantida em uma célula bacteriana como um elemento genético epissomal (e.g. molécula de plasmídeo ou cosmídeo). Origens de replicação preferidas incluem, mas não

são limitados a, a fl-ori e colE1.

Para a detecção da transferência bem sucedida das seqüências de ácidos nucleicos como usadas nos métodos da invenção e/ou seleção de plantas transgênicas compreendendo estes ácidos nucleicos, é vantajoso usar genes marcadores (ou genes repórteres). Portanto, a construção genética pode opcionalmente compreender um gene marcador selecionável. Marcadores selecionáveis são descritos em mais detalhe na seção "definições" neste lugar. Os genes marcadores podem ser removidos ou excisados da célula transgênica uma vez que eles não sejam mais necessários. Técnicas para remoção de marcador são conhecidas na arte, técnicas úteis são descritas acima na seção de definições.

A invenção também fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle, compreendendo introdução e expressão em uma planta de qualquer ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido acima.

Mais especificamente, a presente invenção fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo rendimento aumentado, cujo método compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta ou célula vegetal um ácido nucleico codificando polipeptídeo AP2-2; e

(ii) cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

O ácido nucleico pode ser introduzido diretamente em uma célula vegetal ou na própria planta (incluindo introdução em um tecido, órgão ou qualquer outra parte de uma planta). De acordo com uma característica preferida da presente invenção, o ácido nucleico é preferivelmente introduzido em uma planta por transformação. O termo "transformação" é descrito em mais detalhe na seção "definições" neste lugar.

As células vegetais geneticamente modificadas podem ser regeneradas através de todos os métodos com os quais o trabalhador versado é familiar. Métodos adequados podem ser encontrados nas publicações mencionadas acima por S.D. Kung e R. Wu, Potrykus ou Höfgen e Willmitzer.

Geralmente depois de transformação, células vegetais ou agrupamentos celulares são selecionados para a presença de um ou mais marcadores que são codificados por genes exprimíveis em plantas co-transferidos com o gene de interesse, seguindo o que o material transformado é regenerado em uma planta inteira. Para selecionar plantas transformadas, o material vegetal obtido na transformação é, como uma regra, sujeito a condições seletivas de forma que plantas transformadas podem ser distinguidas de plantas não transformadas. Por exemplo, as sementes obtidas da maneira descrita acima podem ser plantadas e, depois de um período inicial de crescimento, sujeitas a uma seleção adequada por pulverização. Uma possibilidade adicional consiste em cultivar as sementes, se apropriado depois de esterilização, em placas de ágar usando um agente de seleção adequado de forma que apenas as sementes transformadas podem crescer até plantas. Alternativamente, as plantas transformadas são triadas para a presença de um marcador selecionável tal como aqueles descritos acima.

Seguindo transferência de DNA e regeneração, plantas putativamente transformadas também podem ser avaliadas, por exemplo usando análise Southern, para a presença do gene de interesse, número de cópias e/ou organização genômica. Alternativamente ou adicionalmente, níveis de expressão do DNA recentemente introduzido podem ser monitorados usando análise Northern e/ou Western, ambas as técnicas sendo bem conhecidas por pessoas tendo habitual verso na arte.

As plantas transformadas geradas podem ser propagadas por uma variedade de maneiras, tal como por propagação clonal ou técnicas

clássicas de melhoramento. Por exemplo, uma planta transformada de primeira geração (ou T1) pode ser autofecundada e transformantes homozigotos de segunda geração (ou T2) selecionados, e as plantas T2 podem ser então adicionalmente propagadas através de técnicas clássicas de melhoramento. Os organismos transformados gerados podem adotar uma variedade de formas. Por exemplo, eles podem ser quimeras de células transformadas e células não transformadas; transformantes clonais (e.g., todas as células transformadas para conter um cassete de expressão); enxertos de tecidos transformados e não transformados (e.g., em plantas, um rizoma transformado enxertado em uma prole não transformada).

A presente invenção claramente se estende a qualquer célula vegetal ou planta produzida por qualquer dos métodos descritos neste lugar, e a todas as partes vegetais e propágulos destas. A presente invenção se estende adicionalmente para abranger a progênie de uma célula, tecido, órgão ou planta inteira primária transformada ou transfectada que foi produzida por qualquer dos métodos mencionados acima, o único requerimento sendo que a progênie exiba a(s) mesmas(s) característica(s) genotípica(s) e/ou fenotípica(s) que aquelas produzidas pelo ancestral nos métodos de acordo com a invenção.

A invenção também inclui células hospedeiras contendo um ácido nucleico isolado codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido acima. Células hospedeiras preferidas de acordo com a invenção são células vegetais. Plantas hospedeiras para os ácidos nucleicos ou o vetor usado no método de acordo com a invenção, um cassete de expressão ou construção ou vetor são, em princípio, vantajosamente todas as plantas, que são capazes de sintetizar os polipeptídeos usados no método inventivo.

Os métodos da invenção são vantajosamente aplicáveis a qualquer planta. 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 de forragem, plantas ornamentais, cultivos alimentares, árvores ou arbustos. De acordo com uma forma de realização preferida da presente invenção, a planta é uma planta cultivável. Exemplos de plantas cultiváveis incluem soja, girassol, canola, alfafa, colza, algodão, tomate, batata e tabaco. Ainda preferivelmente, a planta é uma planta monocotiledônea. Exemplos de plantas monocotiledôneas incluem cana-de-açúcar. Mais preferivelmente a planta é um cereal. Exemplos de cereais incluem arroz, milho, trigo, cevada, milheto, centeio, triticale, sorgo e aveia.

A invenção também se estende a partes aptas para corte de uma planta tal como, mas não limitado a sementes, folhas, frutos, flores, caules, rizomas, tubérculos e bulbo. A invenção além disso se refere a produtos derivados, preferivelmente diretamente derivados, de uma parte apta para corte de uma tal planta, tal como pelotas ou pós secos, óleo, gordura e ácidos graxos, amido ou proteínas.

De acordo com uma característica preferida da invenção, a expressão modulada é expressão aumentada. Métodos para aumentar expressão de ácidos nucleicos ou genes, ou produtos gênicos, são bem documentados na arte. Exemplos de métodos para aumentar expressão são dados na seção "definições".

Como mencionado acima, um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2; entretanto os efeitos de realizar o método, i.e. melhorar características relacionadas a rendimento também pode ser atingido usando outras técnicas bem conhecidas. Uma descrição de algumas destas técnicas vem a seguir.

Os efeitos da invenção também podem ser reproduzidos usando a técnica de ativação de T-DNA ou TILLING (Lesões Locais

Induzidas Dirigidas em Genomas); para uma descrição da mesma veja a seção "definições".

Os efeitos da invenção também podem ser reproduzidos usando recombinação homóloga; para uma descrição da mesma veja a seção "definições".

A presente invenção também abrange uso de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 como descrito neste lugar e uso deste polipeptídeo AP2-2 para melhorar qualquer das características relacionadas a rendimento em plantas mencionadas acima.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeo AP2-2 descrito neste lugar, ou os próprios polipeptídeos AP2-2, podem encontrar uso em programas de melhoramento nos quais é identificado um marcador de DNA que pode ser geneticamente ligado a um gene codificando polipeptídeo AP2-2. Os ácidos nucleicos/genes, ou os próprios polipeptídeos AP2-2 podem ser usados para definir um marcador molecular. Este marcador de DNA ou proteína pode então ser usado em programas de melhoramento para selecionar plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas como definido acima nos métodos da invenção.

Variantes alélicas de um ácido nucleico/gene codificando polipeptídeo AP2-2 também podem encontrar uso em programas de melhoramento auxiliados por marcador. Tais programas de melhoramento algumas vezes requerem introdução de variação alélica por tratamento mutagênico das plantas, usando por exemplo mutagênese EMS; alternativamente, o programa pode começar com uma coleção de variantes alélicas de assim chamada origem "natural" causadas não intencionalmente. Identificação de variantes alélicas então ocorre, por exemplo, por PCR. Isto é seguido por uma etapa para seleção de variantes alélicas superiores da seqüência em questão e que geram rendimento aumentado. Seleção tipicamente é realizada monitorando desempenho de crescimento de plantas

contendo diferentes variantes alélicas da seqüência em questão. Desempenho de crescimento pode ser monitorado em uma casa de vegetação ou no campo. Etapas opcionais adicionais incluem cruzar plantas nas quais a variante alélica superior foi identificada com outra planta. Isto pode ser usado, por exemplo, para fazer uma combinação de características fenotípicas interessantes.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 também podem ser usados como sondas para mapear geneticamente e fisicamente os genes dos quais elas são uma parte de, e como marcadores para características ligadas a tais genes. Tal informação pode ser útil em melhoramento vegetal a fim de desenvolver linhagens com fenótipos desejados. Tal uso de ácidos nucleicos codificando polipeptídeo AP2-2 requer apenas uma seqüência de ácidos nucleicos de pelo menos 15 nucleotídeos de comprimento. Os ácidos nucleicos codificando polipeptídeo AP2-2 podem ser usados como marcadores de polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP). Southern blots (Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de DNA genômico vegetal digerido por restrição podem ser sondados com os ácidos nucleicos codificando AP2-2. O padrão de bandeamento resultante pode então ser sujeito a análises genéticas usando programas computacionais tal como MapMaker (Lander et al. (1987) Genomics 1: 174-181) a fim de construir um mapa genético. Em adição, os ácidos nucleicos podem ser usados para sondar Southern blots contendo DNAs genômicos tratados com endonuclease de restrição de um conjunto de indivíduos representando ancestral e progênie de um cruzamento genético definido. Segregação dos polimorfismos de DNA é observada e usada para calcular a posição do ácido nucleico codificando polipeptídeo AP2-2 no mapa genético previamente obtido usando esta população (Botstein et al. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

A produção e uso de sondas derivadas de genes vegetais para uso em mapeamento genético é descrita em Bernatzky e Tanksley (1986)

Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicações descrevem mapeamento genético de clones específicos de cDNA usando a metodologia descrita acima ou variações desta. Por exemplo, populações de intercruzamento de F2, populações endocruzadas, populações cruzadas aleatoriamente, linhagens isogênicas próximas, e outros conjuntos de indivíduos podem ser usados para mapeamento. Tais metodologias são bem conhecidas por aqueles versados na arte.

As sondas de ácido nucleico também podem ser usadas para mapeamento físico (i.e., alocação de seqüências em mapas físicos; veja Hoheisel et al. In: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, e referências citadas neste).

Em outra forma de realização, as sondas de ácido nucleico podem ser usadas em mapeamento direto por hibridização in situ por fluorescência (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Embora métodos atuais de mapeamento por FISH favoreçam uso de clones grandes (diversos kb a diversas centenas de kb; veja Laan et al. (1995) Genome Res. 5:13-20), melhoras em sensibilidade podem permitir desempenho de mapeamento por FISH usando sondas menores.

Diversos métodos baseados em amplificação de ácidos nucleicos para mapeamento genético e físico podem ser realizados usando os ácidos nucleicos. Exemplos podem ser encontrados na seção "definições" neste lugar.

A presente invenção fornece adicionalmente um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas em relação a plantas de controle, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

A invenção também fornece ácidos nucleicos codificando tipo AP2-70 e polipeptídeos tipo AP2-70 até agora desconhecidos.

De acordo com uma forma de realização adicional da presente

invenção, portanto é fornecida uma molécula isolada de ácido nucleico compreendendo:

(i) um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(iii) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP (que representa a região C-terminal de SEQ ID NO: 258).

De acordo com uma forma de realização adicional da presente invenção, também é fornecido um polipeptídeo isolado compreendendo:

(i) uma seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258;

(ii) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP (que representa a região C-terminal de SEQ ID NO: 258);

(iii)derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

Um método preferido para modular (preferivelmente,

aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

Qualquer referência daqui por diante a uma "proteína útil nos métodos da invenção" é adotada para significar um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar. Qualquer referência daqui por diante a um "ácido nucleico útil nos métodos da invenção" é adotada para significar um ácido nucleico capaz de codificar um tal polipeptídeo tipo AP2-70. O ácido nucleico a ser introduzido em uma planta (e portanto útil para realizar os métodos da invenção) é qualquer ácido nucleico codificando o tipo de proteína que será descrito agora, daqui por diante também chamada "ácido nucleico tipo AP2-70" ou "gene tipo AP2-70".

Polipeptídeos tipo AP2-70 como definidos abaixo caem dentro de Grupo Ib (A-6) de acordo com a classificação de Nakano *et al.*, 2006.

Um "polipeptídeo tipo AP2-70" como definido neste lugar se refere a qualquer polipeptídeo compreendendo o seguinte:

(i) Um domínio de ligação de DNA AP2 como representado por SEQ ID NO: 332: YRGVRQRHWGKWV AEIRLPRNRTRL WLGTFDTAEEAALAYDSAAFRLRGESARLNF, ou um domínio tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com o domínio representado por SEQ ID NO: 332; e

(ii) Tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de polipeptídeos (*Oryza sativa*) representada por SEQ ID NO: 258; e

(iii)Compreendendo Motivo XVIII representado por SEQ ID NO: 333: RLPXNX^{1}RXRXWLGT F/Y D/E T/S, onde X é qualquer aminoácido e X^1 é zero, um ou mais, e até 30, lacunas; e

(iv)Compreendendo Motivo XIX representado por SEQ ID NO: 334: RG D/E.

No domínio de ligação de DNA AP2 descrito acima em (i), YRG e LAYD, como destacado abaixo, são caixas específicas preferidas para ligação de DNA.

SEQ ID NO: 332: **YRG**VRQRHWGKW VAEIRLPRNRTRL WLGTFDTAEEAA**LAYD**SAAFRLRGESARLNF.

Preferivelmente, o domínio de ligação de DNA AP2 descrito acima em (i) compreende pelo menos resíduos LPRNRTRLWLGTFDT.

Motivo XVIII (SEQ ID NO: 333) é preferivelmente RLP K/R/Q NX^1R T/V/M R L/V WLGT F/Y D/E T/S, onde X^1 é zero, um ou mais, e até 30, lacunas.

Mais preferivelmente, Motivo XVIII (SEQ ID NO: 333) é $RLPRNX^1RTRLWLGTFDT$, caracterizado pelo fato de que X^1 é zero, um ou mais, e até 30, lacunas.

Polipeptídeos AP2-70 como definido neste lugar também podem compreender um ou mais dos seguintes motivos:

Motivo XX/SEQ ID NO: 335: WDESESFLLHKY PSLEID WDAILS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XX. Adaptado a partir de Nakano *et al.*, 2006 (CMI-1).

Motivo XXI/SEQ ID NO: 336: GPPLHAAVDAKLHAICH, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXI. Adaptado a partir de Nakano *et al.*, 2006 (CMI-2).

Motivo XXII/SEQ ID NO: 337: GANYLTPAQVLHV QAQLQRLRRP, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência

pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXII. Adaptado a partir de Nakano *et al.*, 2006 (CMI-3).

Motivo XXIII/SEQ ID NO: 338: VDSKELMGALAPSMVS FSYPCSEQSASS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXIII. Adaptado a partir de Nakano *et al.*, 2006 (CMI-4).

Qualquer dos Motivos XVIII e XX a XXIII descritos acima pode compreender uma, duas ou três mudanças e/ou deleções conservativas e/ou não conservativas em qualquer posição.

Os termos "domínio" e "motivo" são definidos na seção "definições" neste lugar. Bancos de dados especialistas existem para a identificação de domínios. Exemplos são dados na seção "definições" neste lugar.

Além disso, polipeptídeos tipo AP2-70 (pelo menos em sua forma nativa) tipicamente têm atividade de ligação de DNA. Ferramentas e técnicas para medir atividade de ligação de DNA são bem conhecidas na arte.

A presente invenção é ilustrada transformando plantas com a seqüência de ácidos nucleicos representada por SEQ ID NO: 257, codificando a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 258. Entretanto, desempenho da invenção não é restrito a estas seqüências; os métodos da invenção podem ser vantajosamente realizados usando qualquer ácido nucleico codificando tipo AP2-70 ou polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar.

Exemplos de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 são dados em Tabela 18 de Exemplo 18 neste lugar. Tais ácidos nucleicos são úteis para realizar os métodos da invenção. As seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18 são seqüências exemplares de ortólogos e parálogos do polipeptídeo tipo AP2-70 representado por SEQ

ID NO: 258, os termos "ortólogos" e "parálogos" sendo como definidos neste lugar.

Variantes de ácidos nucleicos também podem ser úteis para praticar os métodos da invenção. Exemplos de tais variantes incluem ácidos nucleicos codificando homólogos e derivados de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, os termos "homólogo" e "derivado" sendo como definidos neste lugar. Também úteis nos métodos da invenção são ácidos nucleicos codificando homólogos e derivados de ortólogos ou parálogos de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Homólogos e derivados úteis nos métodos da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica e funcional que a proteína não modificada da qual eles são derivados.

Variantes de ácidos nucleicos adicionais úteis para praticar os métodos da invenção incluem porções de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70, ácidos nucleicos hibridizando com ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70, variantes de união de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70, variantes alélicas de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 e variantes de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 obtidas por embaralhamento gênico. Os termos seqüência hibridizante, variante de união, variante alélica e embaralhamento gênico são como descritos neste lugar.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 não precisam ser ácidos nucleicos de comprimento completo, uma vez que desempenho dos métodos da invenção não se pauta no uso de seqüências de ácidos nucleicos de comprimento completo. De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma porção de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, ou uma porção de um ácido nucleico codificando

um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18.

Uma porção de um ácido nucleico pode ser preparada, por exemplo, fazendo uma ou mais deleções ao ácido nucleico. As porções podem ser usadas em forma isolada ou elas podem ser fusionadas a outras seqüências de codificação (ou não codificantes) a fim de, por exemplo, produzir uma proteína que combina diversas atividades. Quando fusionado a outras seqüências de codificação, o polipeptídeo resultante produzido mediante tradução pode ser maior do que aquele previsto para a porção protéica.

Porções úteis nos métodos da invenção, codificam um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar, e têm substancialmente a mesma atividade biológica que as seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Preferivelmente, a porção é uma porção de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 18 de Exemplo 18, ou é uma porção de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Preferivelmente a porção é, em ordem crescente de preferência de pelo menos 600, 650, 700, 750 nucleotídeos consecutivos de comprimento, os nucleotídeos consecutivos sendo de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, ou de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Mais preferivelmente a porção é uma porção do ácido nucleico de SEQ ID NO: 257. Preferivelmente, a porção codifica uma seqüência de aminoácidos que quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela apresentada em Figuras 3 e 4, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos tipo AP2-70 (Grupo I(A-6), especificamente Grupo Ib: veja Nakanao et al., 2006 para classificação) compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é um ácido nucleico capaz de hibridizar, em condições de estringência reduzida, preferivelmente em condições estringentes, com um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar, ou com uma porção como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 18 de Exemplo 18, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico capaz de hibridizar com um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18.

Seqüências hibridizantes úteis nos métodos da invenção codificam um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar, e têm substancialmente a mesma atividade biológica que as seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Preferivelmente, a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 18 de Exemplo 18, ou com uma porção de qualquer destas seqüências, uma porção sendo como definido acima, ou caracterizado pelo fato de que a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de qualquer uma das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18. Mais preferivelmente, a seqüência hibridizante é capaz de hibridizar com um ácido nucleico como representado por SEQ ID NO: 257 ou com uma porção deste.

Preferivelmente, a seqüência hibridizante codifica uma seqüência de aminoácidos que quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela apresentada em Figuras 3 e 4, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos tipo AP2-70 (Grupo I(A-6), especificamente

Grupo Ib: veja Nakanao *et al.*, 2006 para classificação) compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil nos métodos da invenção é uma variante de união codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima, uma variante de união sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de união de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, ou uma variante de união de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18.

Variantes de união preferidas são variantes de união de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257, ou uma variante de união de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de SEQ ID NO: 258. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pela variante de união, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela apresentada em Figuras 3 e 4, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos tipo AP2-70 (Grupo I(A-6), especificamente Grupo Ib: veja Nakanao *et al.*, 2006 para classificação) compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258 ao invés de com qualquer outro grupo.

Outra variante de ácido nucleico útil para realizar os métodos da invenção é uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima, uma variante alélica sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas,

compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de qualquer um dos ácidos nucleicos dados em Tabela 18 de Exemplo 18, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18.

As variantes alélicas úteis nos métodos da presente invenção têm substancialmente a mesma atividade biológica que o polipeptídeo tipo AP2-70 de SEQ ID NO: 258 e qualquer dos aminoácidos apresentados em Tabela 18 de Exemplo 18. Variantes alélicas existem na natureza, e abrangido dentro dos métodos da presente invenção é o uso destes alelos naturais. Preferivelmente, a variante alélica é uma variante alélica de SEQ ID NO: 257 ou uma variante alélica de um ácido nucleico codificando um ortólogo ou parálogo de SEQ ID NO: 258. Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pela variante alélica, quando usada na construção de uma árvore filogenética, tal como aquela apresentada em Figuras 3 e 4, tende a se agrupar com os polipeptídeos tipo AP2-70 (Grupo I(A-6), especificamente Grupo Ib: veja Nakanao *et al.*, 2006 para classificação) compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258 ao invés de com qualquer outro grupo.

Embaralhamento gênico ou evolução dirigida também podem ser usados para gerar variantes de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 como definido acima; o termo "embaralhamento gênico" sendo como definido neste lugar.

De acordo com a presente invenção, é fornecido um método para melhorar características relacionadas a rendimento em plantas, compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de qualquer uma das seqüências de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, ou compreendendo introduzir e expressar em uma planta uma variante de um ácido nucleico codificando um ortólogo, parálogo ou

homólogo de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas na Tabela 18 de Exemplo 18, cujo ácido nucleico variante é obtido por embaralhamento gênico.

Preferivelmente, a seqüência de aminoácidos codificada pelo ácido nucleico variante obtido por embaralhamento gênico, quando usada na construção de uma árvore filogenética tal como aquela apresentada em Figuras 3 e 4, tende a se agrupar com o grupo de polipeptídeos tipo AP2-70 (Grupo I(A-6), especificamente Grupo Ib: veja Nakanao *et al.*, 2006 para classificação) compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258 ao invés de com qualquer outro grupo.

Além disso, variantes de ácidos nucleicos também podem ser obtidas por mutagênese sítio dirigida. Estão disponíveis diversos métodos para atingir mutagênese sítio dirigida, o mais comum sendo métodos baseados em PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 podem ser derivados de qualquer fonte natural ou artificial. O ácido nucleico pode ser modificado a partir de sua forma nativa em composição e/ou ambiente genômico através de deliberada manipulação humana. Preferivelmente o ácido nucleico codificando polipeptídeo tipo AP2-70 é de uma planta, ainda preferivelmente de uma planta monocotiledônea, mais preferivelmente da família Poaceae, mais preferivelmente o ácido nucleico é de *Oryza sativa*.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas. Em particular desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo rendimento aumentado, especialmente rendimento de sementes aumentada em relação a plantas de controle. Os termos "rendimento" e "rendimento de sementes" são descritos em mais detalhe na seção "definições" neste lugar.

A presente invenção fornece um método para aumentar

rendimento, especialmente rendimento de sementes de plantas, em relação a plantas de controle, cujo método compreende modular expressão, preferivelmente aumentar expressão, em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar.

De acordo com uma característica preferida da presente invenção, desempenho dos métodos da invenção gera plantas tendo uma taxa de crescimento aumentada em relação a plantas de controle. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar a taxa de crescimento de plantas, cujo método compreende modular expressão, preferivelmente aumentar expressão, em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas cultivadas em condições de não estresse ou em condições de seca branda rendimento aumentado em relação a plantas de controle adequadas cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de não estresse ou em condições de seca branda, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

Desempenho dos métodos da invenção gera plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, particularmente em condições de deficiência de nitrogênio, rendimento aumentado em relação a plantas de controle cultivadas em condições comparáveis. Portanto, de acordo com a presente invenção, é fornecido um método para aumentar rendimento em plantas cultivadas em condições de deficiência de nutrientes, cujo método compreende aumentar expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70. Deficiência de nutrientes pode resultar de uma carência ou excesso de nutrientes tal 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) viáveis pelos métodos de acordo com a presente invenção. As plantas ou partes destas compreendem um transgene de ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima.

A invenção também fornece construções genéticas e vetores para facilitar introdução e/ou expressão em plantas de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70. As construções gênicas podem ser inseridas em vetores, que podem estar disponíveis comercialmente, adequados para transformação em plantas e adequados para expressão do gene de interesse nas células transformadas. A invenção também fornece uso de uma construção gênica como definido neste lugar nos métodos da invenção.

Mais especificamente, a presente invenção fornece uma construção compreendendo:

(d) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima;

(e) uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(f) uma seqüência de terminação de transcrição.

Preferivelmente, o ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é:

(i) um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(iv)um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos

50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP (que representa a região C-terminal de SEQ ID NO: 258).

Os termos "seqüência de controle" e "seqüência de terminação" são como definidos neste lugar.

Plantas são transformadas com um vetor compreendendo qualquer dos ácidos nucleicos descrito acima. O artesão versado é bem ciente dos elementos genéticos que devem estar presentes no vetor a fim de transformar com sucesso, selecionar e propagar células hospedeiras contendo a seqüência de interesse. A seqüência de interesse é operacionalmente ligada a uma ou mais seqüências de controle (pelo menos a um promotor).

Vantajosamente, qualquer tipo de promotor, quer natural ou sintético, pode ser usado para dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos. Um promotor constitutivo é particularmente útil nos métodos. Veja a seção "Definições" neste lugar para definições dos vários tipos de promotores. Também útil nos métodos da invenção é um promotor específico de raiz.

Deve ser claro que a aplicabilidade da presente invenção não é restrita ao ácido nucleico codificando polipeptídeo tipo AP2-70 representado por SEQ ID NO: 257, nem é a aplicabilidade da invenção restrita à expressão de um ácido nucleico codificando polipeptídeo tipo AP2-70 quando dirigida por um promotor constitutivo, ou quando dirigida por um promotor específico de raiz.

O promotor constitutivo é preferivelmente um promotor GOS2, preferivelmente um promotor GOS2 de arroz. Ainda preferivelmente o promotor constitutivo é representado por uma seqüência de ácidos nucleicos substancialmente similar a SEQ ID NO: 39 ou SEQ ID NO: 339 mais preferivelmente o promotor constitutivo é como representado por SEQ ID

NO: 39 ou SEQ ID NO: 339. Veja Tabela 2a na seção "definições" neste lugar para exemplos adicionais de promotores constitutivos.

De acordo com outra característica preferida da invenção, o ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é operacionalmente ligado a um promotor específico de raiz. O promotor específico de raiz é preferivelmente um promotor RCc3 (Plant Mol Biol. 1995 Jan;27(2):237-48), mais preferivelmente o promotor RCc3 é de arroz, ainda preferivelmente o promotor RCc3 é representado por uma seqüência de ácidos nucleicos substancialmente similar a SEQ ID NO: 110 ou SEQ ID NO: 340, mais preferivelmente o promotor é como representado por SEQ ID NO: 110. Exemplos de outros promotores raiz específicos que também podem ser usados para realizar os métodos da invenção são mostrados em Tabela 2b neste lugar.

Para a detecção da transferência bem sucedida das seqüências de ácidos nucleicos como usadas nos métodos da invenção e/ou seleção de plantas transgênicas compreendendo estes ácidos nucleicos, é vantajoso usar genes marcadores (ou genes repórteres). Portanto, a construção genética pode opcionalmente compreender um gene marcador selecionável. Marcadores selecionáveis são descritos em mais detalhe na seção "definições" neste lugar.

A invenção também fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas em relação a plantas de controle, compreendendo introdução e expressão em uma planta de qualquer ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima.

Mais especificamente, a presente invenção fornece um método para a produção de plantas transgênicas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas aumentadas, particularmente rendimento (de sementes) aumentada, cujo método compreende:

(iii)introduzir e expressar em uma planta ou célula vegetal um

ácido nucleico codificando polipeptídeo tipo AP2-70; e

(iv)cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

O ácido nucleico de (i) pode ser qualquer dos ácidos nucleicos capaz de codificar um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido neste lugar. Preferivelmente, o ácido nucleico é:

(i) um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(iii)um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP (que representa a região C-terminal de SEQ ID NO: 258).

O ácido nucleico pode ser introduzido diretamente em uma célula vegetal ou na própria planta (incluindo introdução em um tecido, órgão ou qualquer outra parte de uma planta). De acordo com uma característica preferida da presente invenção, o ácido nucleico é preferivelmente introduzido em uma planta por transformação. O termo "transformação" é descrito em mais detalhe na seção "definições" neste lugar.

As células vegetais geneticamente modificadas podem ser regeneradas através de todos os métodos com os quais o trabalhador versado é familiar. Métodos adequados podem ser encontrados nas publicações mencionadas acima por S.D. Kung e R. Wu, Potrykus ou Höfgen e Willmitzer.

Geralmente depois de transformação, células vegetais ou agrupamentos celulares são selecionados para a presença de um ou mais marcadores que são codificados por genes exprimíveis em plantas co-transferidos com o gene de interesse, seguindo o que o material transformado é regenerado em uma planta inteira. Para selecionar plantas transformadas, o material vegetal obtido na transformação é, como uma regra, sujeito a condições seletivas de forma que plantas transformadas podem ser distinguidas de plantas não transformadas. Por exemplo, as sementes obtidas da maneira descrita acima podem ser plantadas e, depois de um período inicial de crescimento, sujeitas a uma seleção adequada por pulverização. Uma possibilidade adicional consiste em cultivar as sementes, se apropriado depois de esterilização, em placas de ágar usando um agente de seleção adequado de forma que apenas as sementes transformadas podem crescer até plantas. Alternativamente, as plantas transformadas são triadas para a presença de um marcador selecionável tal como aqueles descritos acima.

Seguindo transferência de DNA e regeneração, plantas putativamente transformadas também podem ser avaliadas, por exemplo usando análise Southern, para a presença do gene de interesse, número de cópias e/ou organização genômica. Alternativamente ou adicionalmente, níveis de expressão do DNA recentemente introduzido podem ser monitorados usando análise Northern e/ou Western, ambas as técnicas sendo bem conhecidas por pessoas tendo habitual verso na arte.

As plantas transformadas geradas podem ser propagadas por uma variedade de maneiras, tal como por propagação clonal ou técnicas clássicas de melhoramento. Por exemplo, uma planta transformada de primeira geração (ou T1) pode ser autofecundada e transformantes homozigotos de segunda geração (ou T2) selecionados, e as plantas T2 podem ser então adicionalmente propagadas através de técnicas clássicas de melhoramento. Os organismos transformados gerados podem adotar uma

variedade de formas. Por exemplo, eles podem ser quimeras de células transformadas e células não transformadas; transformantes clonais (e.g., todas as células transformadas para conter um cassete de expressão); enxertos de tecidos transformados e não transformados (e.g., em plantas, um rizoma transformado enxertado em uma prole não transformada).

A presente invenção claramente se estende a qualquer célula vegetal ou planta produzida por qualquer dos métodos descritos neste lugar, e a todas as partes vegetais e propágulos destas. A presente invenção se estende adicionalmente para abranger a progênie de uma célula, tecido, órgão ou planta inteira primária transformada ou transfectada que foi produzida por qualquer dos métodos mencionados acima, o único requerimento sendo que a progênie exiba a(s) mesmas(s) característica(s) genotípica(s) e/ou fenotípica(s) que aquelas produzidas pelo ancestral nos métodos de acordo com a invenção.

A invenção também inclui células hospedeiras contendo um ácido nucleico isolado codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido acima. Células hospedeiras preferidas de acordo com a invenção são células vegetais. Plantas hospedeiras para os ácidos nucleicos ou o vetor usado no método de acordo com a invenção, um cassete de expressão ou construção ou vetor são, em princípio, vantajosamente todas as plantas, que são capazes de sintetizar os polipeptídeos usados no método inventivo.

Os métodos da invenção são vantajosamente aplicáveis a qualquer planta. 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 de forragem, plantas ornamentais, cultivos alimentares, árvores ou arbustos. De acordo com uma forma de realização preferida da presente invenção, a planta é uma planta cultivável. Exemplos de plantas cultiváveis incluem soja, girassol, canola, alfafa, colza, algodão,

tomate, batata e tabaco. Ainda preferivelmente, a planta é uma planta monocotiledônea. Exemplos de plantas monocotiledôneas incluem cana-de-açúcar. Mais preferivelmente a planta é um cereal. Exemplos de cereais incluem arroz, milho, trigo, cevada, milheto, centeio, triticale, sorgo e aveia.

A invenção também se estende a partes aptas para corte de uma planta tal como, mas não limitado a sementes, folhas, frutos, flores, caules, rizomas, tubérculos e bulbo. A invenção além disso se refere a produtos derivados, preferivelmente diretamente derivados, de uma parte apta para corte de uma tal planta, tal como pelotas ou pós secos, óleo, gordura e ácidos graxos, amido ou proteínas.

De acordo com uma característica preferida da invenção, a expressão modulada é expressão aumentada. Métodos para aumentar expressão de ácidos nucleicos ou genes, ou produtos gênicos, são bem documentados na arte. Exemplos são dados na seção "definições" neste lugar.

Como mencionado acima, um método preferido para modular (preferivelmente, aumentar) expressão de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70; entretanto os efeitos de realizar o método, i.e. melhorar características relacionadas a rendimento também podem ser atingidos usando outras técnicas bem conhecidas. Uma descrição de algumas destas técnicas pode ser encontrada na seção "definições".

Os efeitos da invenção também podem ser reproduzidos usando a técnica de ativação de T-DNA ou TILLING (Lesões Locais Induzidas Dirigidas em Genomas); para uma descrição da mesma veja a seção "definições".

Os efeitos da invenção também podem ser reproduzidos usando recombinação homóloga; para uma descrição da mesma veja a seção "definições".

A presente invenção também abrange uso de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 como descrito neste lugar e uso deste polipeptídeo tipo AP2-70 para acentuar qualquer das características relacionadas a rendimento mencionadas acima em plantas.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 descritos neste lugar, ou os próprios polipeptídeos tipo AP2-70, podem encontrar uso em programas de melhoramento nos quais é identificado um marcador de DNA que pode ser geneticamente ligado a um gene codificando polipeptídeo tipo AP2-70. Os ácidos nucleicos/genes, ou os próprios polipeptídeos tipo AP2-70 podem ser usados para definir um marcador molecular. Este marcador de DNA ou proteína pode então ser usado em programas de melhoramento para selecionar plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas como definido acima nos métodos da invenção.

Variantes alélicas de um ácido nucleico/gene codificando polipeptídeo tipo AP2-70 também podem encontrar uso em programas de melhoramento auxiliados por marcador. Tais programas de melhoramento algumas vezes requerem introdução de variação alélica por tratamento mutagênico das plantas, usando por exemplo mutagênese EMS; alternativamente, o programa pode começar com uma coleção de variantes alélicas de assim chamada origem "natural" causadas não intencionalmente. Identificação de variantes alélicas então ocorre, por exemplo, por PCR. Isto é seguido por uma etapa para seleção de variantes alélicas superiores da seqüência em questão e que geram rendimento aumentado. Seleção tipicamente é realizada monitorando desempenho de crescimento de plantas contendo diferentes variantes alélicas da seqüência em questão. Desempenho de crescimento pode ser monitorado em uma casa de vegetação ou no campo. Etapas opcionais adicionais incluem cruzar plantas nas quais a variante alélica superior foi identificada com outra planta. Isto pode ser usado, por exemplo,

para fazer uma combinação de características fenotípicas interessantes.

Ácidos nucleicos codificando polipeptídeos tipo AP2-70 também podem ser usados como sondas para mapear geneticamente e fisicamente os genes dos quais elas são uma parte de, e como marcadores para características ligadas a tais genes. Tal informação pode ser útil em melhoramento vegetal a fim de desenvolver linhagens com fenótipos desejados. Tal uso de ácidos nucleicos codificando polipeptídeo tipo AP2-70 requer apenas uma seqüência de ácidos nucleicos de pelo menos 15 nucleotídeos de comprimento. Os ácidos nucleicos codificando polipeptídeo tipo AP2-70 podem ser usados como marcadores de polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição (RFLP). Southern blots (Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de DNA genômico vegetal digerido por restrição podem ser sondados com os ácidos nucleicos codificando tipo AP2-70. O padrão de bandeamento resultante pode então ser sujeito a análises genéticas usando programas computacionais tal como MapMaker (Lander et al. (1987) Genomics 1: 174-181) a fim de construir um mapa genético. Em adição, os ácidos nucleicos podem ser usados para sondar Southern blots contendo DNAs genômicos tratados com endonuclease de restrição de um conjunto de indivíduos representando ancestral e progênie de um cruzamento genético definido. Segregação dos polimorfismos de DNA é observada e usada para calcular a posição do ácido nucleico codificando polipeptídeo tipo AP2-70 no mapa genético previamente obtido usando esta população (Botstein et al. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

A produção e uso de sondas derivadas de genes vegetais para uso em mapeamento genético é descrita em Bernatzky e Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicações descrevem mapeamento genético de clones específicos de cDNA usando a metodologia descrita acima ou variações desta. Por exemplo, populações de

intercruzamento de F2, populações endocruzadas, populações cruzadas aleatoriamente, linhagens isogênicas próximas, e outros conjuntos de indivíduos podem ser usados para mapeamento. Tais metodologias são bem conhecidas por aqueles versados na arte.

As sondas de ácido nucleico também podem ser usadas para mapeamento físico (i.e., alocação de seqüências em mapas físicos; veja Hoheisel et al. In: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, pp. 319-346, e referências citadas neste).

Em outra forma de realização, as sondas de ácido nucleico podem ser usadas em mapeamento direto por hibridização in situ por fluorescência (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Embora métodos atuais de mapeamento por FISH favoreçam uso de clones grandes (diversos kb a diversas centenas de kb; veja Laan et al. (1995) Genome Res. 5:13-20), melhoras em sensibilidade podem permitir desempenho de mapeamento por FISH usando sondas menores.

Os métodos de acordo com a presente invenção resultam em plantas tendo características relacionadas a rendimento melhoradas, como descrito acima. Estas características também podem ser combinadas com outras características economicamente vantajosas, tal como características que aumentam rendimento adicionais, tolerância a outros estresses abióticos e bióticos, características modificando várias características de arquitetura e/ou características bioquímicas e/ou fisiológicas.

Descrição de figuras

A presente invenção será descrita agora com referência às figuras seguintes nas quais:

Fig. 1 mostra uma árvore filogenética tirada de Ooka *et al.*, 2003 (DNA Research 10, 239-247). A terceira caixa tracejada do fundo, marcada "OsNAC7", é o grupo compreendendo a seqüência de SEQ ID NO: 2. O agrupamento de NACs começando de ONAC022 até OsNAC3,

representa o agrupamento compreendendo as seqüências de SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 e SEQ ID NO: 59. Seqüências de aminoácidos se agrupando nestes grupos (as seqüências de aminoácidos dadas na Tabelas 3 e 4, por exemplo) são consideradas como sendo úteis nos métodos da invenção.

Fig. 2 mostra a seqüência de SEQ ID NO: 132 com (A): Sinal putativo de localização nuclear, (B): domínio de ligação de DNA AP2/ERF, (1): motivo CMVII-1, (3): motivo CMVII-3, (4): motivo CMVII-4, (5): motivo CMVII-5, (6): motivo CMVII-6, (7): motivo CMVII-7, (8): motivo CMVII-8. Os motivos CMVII foram identificados de acordo com Nakano et al. (2006).

Fig. 3 mostra uma árvore filogenética tirada de Nakano *et al.* (Plant Physiol. Vol. 140, 2006) na qual o grupo indicado como I(A-6) inclui o grupo de polipeptídeos tipo AP2-70 definido neste lugar.

Fig. 4 mostra uma seção de uma árvore filogenética compreendendo seqüências de polipeptídeo tipo AP2-70 definidas neste lugar e expandindo o grupo indicado como Grupo I(A-6) em Nakano *et al.*, 2006. A árvore filogenética foi construída usando um algoritmo de agrupamento de vizinhos como fornecido no programa AlignX do Vector NTI (Invitrogen).

Fig. 5 mostra um alinhamento de fatores de transcrição NAC como definido acima. As seqüências foram alinhadas usando programa AlignX de Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Alinhamento múltiplo foi feito com uma penalidade de abertura de lacuna de 10 e uma extensão de lacuna de 0,01. Edição manual secundária também foi realizada onde necessário para melhor posicionar algumas regiões conservadas. O domínio NAC e Motivos I a III são indicados.

Fig. 6 mostra um alinhamento de fatores de transcrição NAC como definido acima. As seqüências foram alinhadas usando programa AlignX de Vector NTI suite (InforMax, Bethesda, MD). Alinhamento

múltiplo foi feito com uma penalidade de abertura de lacuna de 10 e uma extensão de lacuna de 0,01. Edição manual secundária também foi realizada onde necessário para melhor posicionar algumas regiões conservadas. O domínio NAC e Motivos IV to XI são indicados.

Fig. 7 mostra um alinhamento múltiplo de seqüências CLUSTAL W de polipeptídeos AP2-2 de *Arabidopsis* e arroz. SEQ ID NO: 132 (Os06g09390) é indicada em negrito e as regiões conservadas (motivos XII a XVII, SEQ ID NO: 133 a SEQ ID NO: 138) são sublinhadas.

Fig. 8 mostra um alinhamento de polipeptídeos tipo AP2-70 com Motivos XVIII e XIX indicados e com o domínio de ligação de DNA AP2 também indicado.

Fig. 9 mostra um vetor binário p163, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC de *Oryza sativa* sob o controle de um promotor GOS2 (referência interna PRO0129).

Fig. 10 mostra um vetor binário p164, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC1 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 50) sob o controle de um promotor GOS2 (referência interna PRO0129) para expressão constitutiva.

Fig. 11 mostra um vetor binário p165, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC4 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 52) sob o controle de um promotor GOS2 (referência interna PRO0129) para expressão constitutiva.

Fig. 12 mostra um vetor binário p166, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC4 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 52) sob o controle de um promotor RCc3 (referência interna PRO0110) para expressão raiz específica.

Fig. 13 mostra um vetor binário p167, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de

transcrição NAC de *Oryza sativa* sob o controle de um promotor de protoclorofilida redutase (referência interna PRO0123).

Fig. 14 mostra um vetor binário p167, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC6 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 54) sob o controle de um promotor RCc3 (referência interna PRO0110) para expressão raiz específica.

Fig. 15 mostra um vetor binário p168, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC7 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 56) sob o controle de um promotor GOS2 (referência interna PRO0129) para expressão constitutiva.

Fig. 16 mostra um vetor binário p169, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC3 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 58) sob o controle de um promotor RCc3 (referência interna PRO0110) para expressão raiz específica.

Fig. 17 mostra um vetor binário pGOS2::NAC1, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC1 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 50) sob o controle de um promotor GOS2 para expressão constitutiva.

Fig. 18 mostra um vetor binário pGOS2::NAC4, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC4 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 52) sob o controle de um promotor GOS2 para expressão constitutiva.

Fig. 19 mostra um vetor binário pRCc3::NAC4, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC4 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 52) sob o controle de um promotor RCc3 para expressão raiz específica.

Fig. 20 mostra um vetor binário pRCc3::NAC6, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC6 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 54) sob o controle de um

promotor RCc3 para expressão raiz específica.

Fig. 21 mostra um vetor binário pGOS2::NAC7, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC7 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 56) sob o controle de um promotor GOS2 para expressão constitutiva.

Fig. 22 mostra um vetor binário pRCc3::NAC3, para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando fator de transcrição NAC3 de *Oryza sativa* (SEQ ID NO: 58) sob o controle de um promotor RCc3 para expressão raiz específica.

Fig. 23 mostra o vetor binário para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando proteína AP2-2 de arroz sob o controle de um promotor GOS2.

Fig. 24 mostra o vetor binário para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando proteína tipo AP2-70 de *Oryza sativa* sob o controle de um promotor RCC3 (pRCC3) de arroz.

Fig. 25 mostra o vetor binário para expressão aumentada em *Oryza sativa* de um ácido nucleico codificando proteína tipo AP2-70 de *Oryza sativa* sob o controle de um promotor GOS2 (pGOS2) de arroz.

Figs. 26 a 29 detalham exemplos de seqüências úteis para realizar os métodos de acordo com a presente invenção.

Exemplos

A presente invenção será descrita agora com referência aos exemplos seguintes, que são como forma de ilustração apenas. Os exemplos seguintes não são pretendidos para definirem completamente ou de outra maneira limitar o escopo da invenção.

A) OsNAM2

Exemplo 1: Clonagem de cDNA de OsNAM2

RNA celular total de plântulas de arroz de 2 semanas de idade foi usado para clonar cDNA de *OsNAM2*. RNA foi extraído usando um

RNeasy Kit (Qiagen, Germany). cDNA de *OsNAM2* foi de 1292bp de comprimento, de 5' UTR (região não traduzida) até o códon de parada. Dois cDNAs sobrepostos foram unidos no clone de cDNA de *OsNAM2*. Um cDNA 5' de 1025 bp foi obtido por 5' RACE-PCR usando um iniciador adaptador (5'-AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGTACGCGGG-3') e o iniciador OsNAM2 específico (OsNAM2-2) (5'- CTC TCC AGA GGC GGC ATC ATG TCG GA -3'). O 5' RACE-PCR foi realizado com o BD SMART™ RACE cDNA Amplification Kit (Clontech, USA). O iniciador adaptador (Oligonucleotídeo SMART II A) foi como fornecido pelo fabricante. O cDNA 3' de 620bp foi obtido por PCR com dois iniciadores OsNAM2 específicos (NAM2-1 (5' – TGA TCG GGA TGA GGA AGA C -3') e NAM2-3 (5'- GAT CAG TCT CGG TCA TCG ATG -3')). O cDNA de primeira fita como modelo de PCR foi sintetizado com o Oligotex mRNA kit (Qiagen, Valencia, CA). Produtos candidatos de PCR foram purificados em gel, subclonados no pGEM-T Easy (Promega, USA), e confirmados por seqüenciamento. O vetor abrigando o cDNA 5' foi cortado com *Hin*dIII e ligado com um fragmento de *Hin*dIII do vetor de cDNA 3'. O resultado foi um cDNA de *OsNAM2* de 1292 bp.

Exemplo 2: Construção de Vetor

2.1 OsNAM2 sob o controle de um promotor GOS2

O clone de entrada foi subseqüentemente usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor contém como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendido para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor GOS2 de arroz (SEQ ID NO: 39 ou SEQ ID NO: 339) para expressão constitutiva (referência interna PRO0129) foi localizado antes deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão resultante p163 (Figura 9) foi transformado em linhagem LBA4044 de *Agrobacterium* e subseqüentemente para plantas de *Oryza sativa*. Plantas de arroz transformadas foram deixadas crescendo e foram então examinadas para os parâmetros descritos abaixo.

2.2 OsNAM2 sob o controle de um promotor de protoclorofilida redutase

O clone de entrada foi subseqüentemente usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor contém como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendido para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor de protoclorofilida redutase (SEQ ID NO: 40) para expressão tecido verde específica (referência interna PRO0123) foi localizado antes deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão resultante p167 (Figura 13) foi transformado em linhagem LBA4044 de *Agrobacterium* e subseqüentemente para plantas de *Oryza sativa*. Plantas de arroz transformadas foram deixadas crescendo e foram então examinadas para os parâmetros descritos abaixo.

Exemplo 3: Procedimento de avaliação

3.1 Configuração de avaliação

Aproximadamente 30 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação para cultivo e colheita de semente T1. Sete eventos, dos quais a progênie T1 segregou 3:1 para presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 plântulas T1 contendo o transgene (hetero e homozigotas) e aproximadamente 10 plântulas T1 carecendo do transgene

(nulizigotos) foram selecionadas monitorando expressão de marcador visual. As plantas transgênicas e os nulizigotos correspondentes foram cultivados lado a lado em posições aleatórias. Condições de casa de vegetação foram de dias curtos (12 horas de luz), 28°C no claro e 22°C no escuro, e uma umidade relativa de 70%. Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

3.2 Análise estatística: teste t e teste F

Uma ANOVA de dois fatores (análises de variância) foi usada como um modelo estatístico para a avaliação geral de características fenotípicas vegetais. Um teste F foi realizado em todos os parâmetros medidos de todas as plantas de todos os eventos transformadas com o gene da presente invenção. O teste F foi realizado para verificar por um efeito do gene sobre todos os eventos de transformação e para verificar por um efeito geral do gene, também conhecido como um efeito gênico global. O limiar para significância para um verdadeiro efeito gênico global foi ajustado em um nível de probabilidade de 5% para o teste F. Um valor significante de teste F aponta para um efeito gênico, significando que não é apenas a mera presença ou a posição do gene que está causando as diferenças em fenótipo.

Para verificar por um efeito dos genes dentro de um evento, i.e., por um efeito linhagem específico, um teste t foi realizado dentro de cada evento usando conjuntos de dados das plantas transgênicas e das plantas nulas correspondentes. "Plantas nulas" ou "segregantes nulos" ou "nulizigotos" são as plantas tratadas da mesma maneira que a planta transgênica, mas das quais o transgene foi segregado. Plantas nulas também podem ser descritas como as plantas transformadas negativas homozigotas. O limiar para significância para o teste t é ajustado em 10% de nível de probabilidade. Os resultados para alguns eventos podem estar acima ou abaixo deste limiar. Isto é baseado na

hipótese de que um gene pode apenas ter um efeito em certas posições no genoma, e que a ocorrência deste efeito dependente de posição não é incomum. Este tipo de efeito gênico é também chamado neste lugar um "efeito de linhagem do gene". O valor de p é obtido comparando o valor de t com a distribuição de t ou alternativamente, comparando o valor de F com a distribuição de F. O valor de p então gera a probabilidade de que a hipótese nula (i.e., que não existe nenhum efeito do transgene) esteja correta.

Exemplo 4: Resultados de avaliação

4.1 OsNAM2 sob o controle de um promotor GOS2

Houve um aumento em área acima do solo, número de panículas, no número de flores por panícula e no número total de sementes para plantas transgênicas expressando um gene OsNAM2 sob o controle de um promotor GOS2 comparadas com nulizigotos. Houve um aumento significante no número de flores por panícula e no número total de sementes para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Houve um aumento de >12% (média para 4 eventos) no número de flores por panícula para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos, com um valor de p significante do teste F de <0,0014. Além disso, houve um aumento de 35% no número total de sementes para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos, com um valor de p significante do teste F de <0,0045.

4.2 OsNAM2 sob o controle de um promotor de protoclorofilida redutase

Houve um aumento em área acima do solo, número de panículas e no número total de sementes para plantas transgênicas expressando um gene OsNAM2 sob o controle de um promotor de protoclorofilida redutase comparadas com nulizigotos. Houve um aumento >16% (média para 2 eventos) na área acima do solo para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos, com um valor de p significante do teste F de <0,0014. Houve um aumento >16% no número de panículas para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos e um aumento >18% no número

total de sementes para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos.

B) OsNAC1, 3, 4, 6, e 7

***Exemplo 5: Clonagem de* OsNAC1, 3, 4, 6, e 7**

Genes de *Oryza sativa* contendo um domínio NAC, *OsNAC1* (número de acesso de Gene bank AK067690), *OsNAC3* (AK069257), *OsNAC*4 (AK068392), *OsNAC6* (AK102475) e *OsNAC7* (AK107330), foram identificados como sendo induzíveis por estresse em arroz por perfilação de expressão conduzida com o Microarranjo de Genoma Completo de Arroz de 60K (GreenGene Biotech Inc., Korea). Este microarranjo conteve sondas de oligonucleotídeos de 70-mer com seqüências correspondendo a 58.417 ORFs conhecidos ou previstos cobrindo todo o genoma de arroz (Oh *et al.*, 2005 *Plant Physiology* **138**: 341-351). Os cDNAs de comprimento completo de *OsNAC1* e *OsNAC3* foram obtidos a partir de estoques de EST de arroz gerados por GreenGene Biotech Inc. Estes cDNAs foram inseridos em sítios *Eco*R1 e *Xho1* de Bluescript SKII (Stratagene). Os cDNAs de comprimento completo de *OsNAC4*, *OsNAC*6 e *OsNAC7* foram amplificados por PCR usando como modelo uma biblioteca de cDNA de plântula de *Oryza sativa* (GreenGene Biotech, Korea). Depois de transcrição reversa de RNA extraído de plântulas de 14 dias de idade que foram tratadas com 400 mM de NaCl por 6 horas, os cDNAs foram clonados em Uni-ZAP XR (Stratagene). Tamanho médio de inserto da biblioteca foi 1,5 kb e número original de placas foi da ordem de 1.10^6 pfu. Título original foi determinado como sendo 2.10^9 pfu/ml depois de primeira amplificação de 2.10^6 pfu/ml. 0,1 μg de biblioteca de cDNA foi usado em cada mistura de PCR de 50μl. Iniciadores de PCR que foram usados para a amplificação dos genes *OsNAC* são listados em Tabela 7. Amplificações por PCR foram realizadas usando *Pfu* DNA polimerase em condições padrão. Os fragmentos de DNA foram amplificados e purificados também usando métodos padrão. Produtos de PCR foram ligados em sítio *Eco*R1 de pBluescript SKII e seqüenciados.

Tabela 7. Lista de iniciadores usados para isolamento de *OsNAC*s.

	Iniciadores diretos	Iniciadores reversos
OsNAC4	5'CCAACACTAGTAGGATAAAG3'	5'ACCACTGGGCTAATTAATTA3'
OsNAC6	5'GGTCGACCCACGCGTCCGCT3'	5'AACTGAAGTACCCGTTCTTA3'
OsNAC7	5'ATCCTCCACAAGAGAAACTA3'	5'AGTACAGTGTAGCACAATAA3'

Exemplo 6: Construção de Vetor de Expressão

6.1 Construções de GOS2

O clone de entrada foi subseqüentemente usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor contém como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendido para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor GOS2 de arroz (SEQ ID NO: 39) para expressão constitutiva (referência interna PRO0129) foi localizado antes deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, os vetores de expressão resultantes p164 (Figura 10), p165 (Figura 11) e p168 (Figura 15) foram transformados cada em linhagem LBA4044 de *Agrobacterium* e subseqüentemente para plantas de *Oryza sativa*. Plantas de arroz transformadas foram deixadas crescendo e foram então examinadas para os parâmetros descritos abaixo.

6.2 Construções de RCc3

O clone de entrada foi subseqüentemente usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor contém como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendido para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor RCc3 de arroz (SEQ ID NO: 110) para expressão raiz específica (referência interna PRO0110) foi localizado antes deste cassete

Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, os vetores de expressão resultantes p166 (Figura 12), p167 (Figura 14) e p169 (Figura 16) foram transformados cada em linhagem LBA4044 de *Agrobacterium* e subseqüentemente para plantas de *Oryza sativa*. Plantas de arroz transformadas foram deixadas crescendo e foram então examinadas para os parâmetros descritos abaixo.

Exemplo 7: Procedimento de avaliação

7.1 Configuração de avaliação

Aproximadamente 30 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação para cultivo e colheita de semente T1. Sete eventos, dos quais a progênie T1 segregou 3:1 para presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 plântulas T1 contendo o transgene (hetero e homozigotas) e aproximadamente 10 plântulas T1 carecendo do transgene (nulizigotos) foram selecionadas monitorando expressão de marcador visual. As plantas transgênicas e os nulizigotos correspondentes foram cultivados lado a lado em posições aleatórias. Condições de casa de vegetação foram de dias curtos (12 horas de luz), 28°C no claro e 22°C no escuro, e uma umidade relativa de 70%. Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

Seleção de seca

Plantas de cinco eventos (sementes T2) foram cultivadas em solo de vaso em condições normais até elas terem atingido o estágio de espigamento. Elas foram então transferidas para uma seção "seca" onde irrigação foi retida. Sondas de umidade foram inseridas em potes

aleatoriamente escolhidos para monitorar o teor hídrico do solo (SWC). Quando SWC ficou abaixo de certos limiares, as plantas foram automaticamente re-irrigadas continuamente até que um nível normal fosse novamente atingido. As plantas foram então re-transferidas de novo para condições normais. O resto do cultivo (maturação vegetal, coleta de sementes) foi o mesmo que para plantas não cultivadas em condições de estresse abiótico. Um ciclo de confirmação foi realizado consistindo de repetir a seleção com sementes T2 não coletadas de plantas da primeira seleção de seca, mas de plantas cultivadas em condições normais.

Parâmetros medidos

A área acima do solo de planta (ou biomassa de folhas) foi determinada contando o número total de pixéis nas imagens digitais de partes aéreas vegetais discriminadas do perfil. Foi tirada a média deste valor para as fotos tiradas no mesmo momento dos ângulos diferentes e foi convertido para um valor de superfície física expresso em mm quadrados por calibração. Experimentos mostram que a área acima do solo de planta medida desta maneira se correlaciona com a biomassa de partes aéreas de planta. A Areamax é a área acima do solo no momento no qual a planta atingiu sua biomassa de folhas máxima.

As panículas primárias maduras foram coletadas, ensacadas, etiquetadas com código de barras e então secas por três dias no forno a 37°C. As panículas foram então trilhadas e todas as sementes coletadas. As cascas cheias foram separadas daquelas vazias usando um dispositivo que sopra ar. Depois de separação, ambos os lotes de sementes foram então contados usando uma máquina de contagem disponível comercialmente. As cascas vazias foram descartadas. As cascas cheias foram pesadas em uma balança analítica e a área seccional cruzada das sementes foi medida usando formação de imagem digital. Este procedimento resultou no estabelecimento dos seguintes parâmetros relacionados a sementes:

As flores por panícula estimam o número médio de floretes por panícula em uma planta, derivado do número de sementes total dividido pelo número de primeiras panículas. A panícula mais alta e todas as panículas que se sobrepõe com a panícula mais alta quando alinhadas verticalmente, foram consideradas as primeiras panículas e foram contadas manualmente. O número de grãos cheios foi determinado contando o número de cascas cheias que permaneceram depois da etapa de separação. O rendimento total de sementes (peso total de semente) foi medida pesando todas as cascas cheias coletadas de uma planta. Número total de sementes por planta foi medido contando o número de cascas coletadas de uma planta e corresponde ao número de floretes por planta. Peso de mil sementes (TKW) é extrapolado a partir do número de grãos cheios contados e seu peso total. Índice de Colheita é definido como a proporção entre o peso total de sementes e a área acima do solo (mm^2), multiplicada por um fator 10^6. O parâmetro EmerVigor é uma indicação do vigor de plântula. Ele é calculado a partir da área (em mm^2) coberta por biomassa de folhas no primeiro tratamento de imagens. A taxa de enchimento de grãos (fillrate) é uma indicação do enchimento dos grãos. Ela é expressa como uma proporção (em%) do número de grãos cheios pelo número de floretes (nrtotalseed).

Estes parâmetros foram derivados de uma maneira automatizada a partir das imagens digitais usando aplicativo computacional de análise de imagem e foram analisados estatisticamente. Parâmetros individuais de sementes (incluindo largura, comprimento, área, peso) foram medidos usando um dispositivo feito sob encomenda consistindo de dois componentes principais, um dispositivo de pesagem e formação de imagem, acoplado a aplicativo computacional para análise de imagem.

7.2 Análise estatística: teste t e teste F

Uma ANOVA de dois fatores (análises de variância) foi usada como um modelo estatístico para a avaliação geral de características

fenotípicas vegetais. Um teste F foi realizado em todos os parâmetros medidos de todas as plantas de todos os eventos transformadas com o gene da presente invenção. O teste F foi realizado para verificar por um efeito do gene sobre todos os eventos de transformação e para verificar por um efeito geral do gene, também conhecido como um efeito gênico global. O limiar para significância para um verdadeiro efeito gênico global foi ajustado em um nível de probabilidade de 5% para o teste F. Um valor significante de teste F aponta para um efeito gênico, significando que não é apenas a mera presença ou a posição do gene que está causando as diferenças em fenótipo.

Para verificar por um efeito dos genes dentro de um evento, i.e., por um efeito linhagem específico, um teste t foi realizado dentro de cada evento usando conjuntos de dados das plantas transgênicas e das plantas nulas correspondentes. "Plantas nulas" ou "segregantes nulos" ou "nulizigotos" são as plantas tratadas da mesma maneira que a planta transgênica, mas das quais o transgene foi segregado. Plantas nulas também podem ser descritas como as plantas transformadas negativas homozigotas. O limiar para significância para o teste t é ajustado em 10% de nível de probabilidade. Os resultados para alguns eventos podem estar acima ou abaixo deste limiar. Isto é baseado na hipótese de que um gene pode apenas ter um efeito em certas posições no genoma, e que a ocorrência deste efeito dependente de posição não é incomum. Este tipo de efeito gênico é também chamado neste lugar um "efeito de linhagem do gene". O valor de p foi obtido comparando o valor de t com a distribuição de t ou alternativamente, comparando o valor de F com a distribuição de F. O valor de p então gera a probabilidade de que a hipótese nula (i.e., que não existe nenhum efeito do transgene) esteja correta.

Exemplo 8: Resultados de avaliação

8.1 NAC1 sob o controle de um promotor GOS2

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC1

sob o controle de um promotor GOS2. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Embora não mostrado em Tabela 8, um aumento em biomassa de raiz também foi observado, com o melhor evento dando um aumento de 7% comparado com nulizigotos.

Tabela 8: Resultados para NAC1 sob o controle de um promotor GOS2

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Área max	6 eventos	13,70%	<0,077
		geral +11%	0 (teste F)
Vigor de emergência	5 eventos	29,60%	<0,225
		geral +16%	<0,0108 (teste F)
TKW	5 eventos	5,40%	<0,097
		geral +3%	0 (teste F)
Panículas primárias	3 eventos	20,33%	<0,061
Número total de sementes	2 eventos	16	<0,15

8.2 NAC4 sob o controle de um promotor GOS2

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC4 sob o controle de um promotor GOS2. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é for plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Embora não mostrado na Tabela 9a, um aumento em peso de sementes também foi observado, com o melhor evento dando um aumento de 30% comparadas com nulizigotos. Tabela 9a mostra os resultados obtidos em condições de não estresse e Tabela 9b mostra os resultados obtidos em condições de estresse.

Tabela 9a: Resultados para NAC4 sob o controle de um promotor GOS2

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Area max	3 eventos	18,33%	<0,051
		geral +9%	<0,0023 (teste F)
Vigor de emergência	3 eventos	30,67%	<0,38
Raiz max	2 eventos	10,50%	<0,088
TKW	4 eventos	6,50%	<0,042
		geral +4%	0 (teste F)
Panículas primárias	3 eventos	15,67%	<0,34
Número total de sementes	3 eventos	13,33	<0,281
		geral +5%	<0,091 (teste F)

Tabela 9b: Resultados para NAC4 sob o controle de um promotor GOS2 (seleção de seca)

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Area max	2 eventos	10,5%	<0,0011
		geral +8%	0 (F test)
Vigor de emergência	3 eventos	42%	<0,0007
TKW	3 eventos	4%	<0,042
		geral +4,66%	<0,0251 (teste F)
Panículas primárias	3 eventos	4,33%	<0,091
		geral + 2%	<0,00275 (teste F)
Raiz pequena	2 eventos	6%	<0,0901

8.3 NAC4 sob o controle de um promotor RCc3

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC4 sob o controle de um promotor RCc3. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Embora não mostrado em Tabela 10a, um aumento em peso de mil sementes também foi observado, com o melhor evento dando um aumento de 4% comparado com nulizigotos.

Tabela 10a: Resultados para NAC4 sob o controle de um promotor RCc3

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Área max	2 eventos	13,00%	<0,0125
		geral + 4%	<0,0313 (teste F)
Vigor de emergência	2 eventos	13,50%	<0,288
		geral +7%	<0,11 (teste F)
Raiz max	1 evento	9,00%	<0,0597
		geral +4%	<0,0722 (teste F)
Rendimento total de sementes	2 eventos	16,00%	<0,094
		geral +6%	<0,0733 (teste F)
Número total de sementes	2 eventos	14,5	<0,137

Tabela 10b: Resultados para NAC4 sob o controle de um promotor RCc3 (seleção de seca)

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Área max	2 eventos	8%	<0,1077
Rendimento total de sementes	2 eventos	49%	<0,018
		geral +20%	0,002 (teste F)
Número de grãos cheios	2 eventos	50,5%	<0,0138
		geral +20%	0,0017 (teste F)
Taxa de enchimento	2 eventos	46,5%	<0,0418
		geral + 16%	0,011 (teste F)
Índice de Colheita	2 eventos	47%	<0,0168
		geral +19%	0,0037

Altura	2 eventos	6,5%	<0,0103
Número total de sementes	2 eventos	26%	<0,0579
		geral + 4%	0,1951 (teste F)
Raiz max	2 eventos	6,5%	<0,1038
Flor por panícula	2 eventos	17,5%	<0,1019

8.4 NAC6 sob o controle de um promotor RCc3

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC6 sob o controle de um promotor RCc3. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Embora não mostrado em Tabela 11, um aumento no número de flores por panícula também foi observado, com o melhor evento dando um aumento de 20% comparado com nulizigotos. Além disso, e também não mostrado na tabela, um aumento no número de panículas também foi observado, com o melhor evento dando um aumento de 28% comparado com nulizigotos.

Tabela 11: Resultados para NAC6 sob o controle de um promotor RCc3

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Área max	2 eventos	17,50%	<0,0104
Vigor de emergência	2 eventos	21,00%	<0,2385
Raiz max	3 eventos	13,33%	<0,0093
		geral + 5,00%	<0,0673 (teste F)
Índice raiz parte aérea	4 eventos	64,00%	<0,1279
		geral + 37%	<0,0005 (teste F)
Rendimento total de sementes	2 eventos	20,00%	<0,2378
Número total de sementes	2 eventos	20%	<0,0323

8.5 NAC7 sob o controle de um promotor GOS2

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC7 sob o controle de um promotor GOS2. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos.

Tabela 12: Resultados para NAC7 sob o controle de um promotor GOS2

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Área max	3 eventos	18,33%	<0,011
		geral +11%	0 (teste F)
Vigor de emergência	3 eventos	17,33%	<0,422
Raiz Max	1 evento	11,00%	<0,0249
		geral +4%	<0,0370 (teste F)
Rendimento total de sementes	2 eventos	20,50%	<0,08
Flor por panícula	3 eventos	10%	<0,101
Panículas primárias		19,00%	<0,0769
Número total de sementes	2 eventos	15%	<0,177
		geral +5%	<0,0751 (teste F)

8.6 NAC3 sob o controle de um promotor RCc3

Um aumento nos seguintes parâmetros relacionados a rendimento foi observado para plantas transgênicas superexpressando NAC3 sob o controle de um promotor RCc3. O valor de p mostrado é do teste t a menos que de outra maneira indicado. A diferença percentual é para plantas transgênicas comparadas com nulizigotos. Embora não mostrado em Tabela 13, um aumento em área acima do solo foi observado (com o melhor evento dando um aumento de 19%), um aumento em vigor precoce (com o melhor evento dando um aumento de 20%), um aumento em biomassa de raiz (com o melhor evento dando um aumento de 15%), um aumento em peso de mil sementes, um aumento em Índice de Colheita (com o melhor evento dando um aumento de 26%), um aumento no número de panículas (com o melhor evento dando um aumento de 33%).

Tabela 13: Resultados para NAC3 sob o controle de um promotor RCc3

Característica	Eventos positivos	Diferença média	Valor de p
Rendimento total de sementes	2 eventos	29,00%	<0,00777
		geral + 6%	<0,00553 (teste F)
Número total de sementes	1 evento	44%	<0,0001
		geral + 5%	<0,1084 (teste F)

C) Polipeptídeo AP2-2

Exemplo 9: Identificação de seqüências relacionadas a SEQ ID NO: 131 e SEQ ID NO: 132

Seqüências (cDNA de comprimento completo, ESTs ou genômico) relacionadas a SEQ ID NO: 131 e/ou seqüências de proteínas

relacionadas a SEQ ID NO: 132 foram identificadas entre aquelas mantidas no banco de dados Entrez Nucleotides no National Center for Biotechnology Information (NCBI) usando ferramentas de busca de seqüência de banco de dados, tal como a Ferramenta Básica de Alinhamento Local (BLAST) (Altschul *et al.* (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; e Altschul *et al.* (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389-3402). O programa foi usado para encontrar regiões de similaridade local entre seqüências comparando seqüências de ácidos nucleicos ou polipeptídeos com banco de dados de seqüências e calculando a significância estatística de identidades. O polipeptídeo codificado por SEQ ID NO: 131 foi usado para o algoritmo TBLASTN, com configurações padrão e o filtro para ignorar acionamento de seqüências de baixa complexidade. O resultado da análise foi visto por comparação pareada, e ranqueado de acordo com o escore de probabilidade (valor E), onde o escore reflete a probabilidade de que um alinhamento particular ocorra ao acaso (quanto menor o valor E, mais significante o acerto). Em adição a valores E, comparações também foram pontuadas por identidade percentual. Identidade percentual se refere ao número de nucleotídeos (ou aminoácidos) idênticos entre as duas seqüências de ácidos nucleicos (ou polipeptídeos) comparadas ao longo de um comprimento particular. Em algumas instâncias, os parâmetros padrão podem ser ajustados para modificar a estringência da busca.

Tabela 14 fornece uma lista de seqüências de ácidos nucleicos e de proteínas relacionadas à seqüência de ácidos nucleicos como representada por SEQ ID NO: 131 e a seqüência de proteínas representada por SEQ ID NO: 132.

Tabela 14: Seqüências de ácidos nucleicos codificando polipeptídeos AP2-2 e polipeptídeos AP2-2.

Nome/identificador	Organismo fonte	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Polipeptídeo SEQ ID NO:
AP2-EREBP	*Oryza sativa*	131	132
Os07g47790	*Oryza sativa*	139	140
AAX13280	*Triticum aestivum*	141	142
Os01g21120	*Oryza sativa*	143	144
Os03g08470	*Oryza sativa*	145	146
CAD56466	*Triticum aestivum*	147	148
AT2G47520.1	*Arabidopsis thaliana*	149	150
Os02g54160	*Oryza sativa*	151	152
Os09g26420	*Oryza sativa*	153	154
AAP32468	*Triticum aestivum*	155	156
AAP32467	*Triticum aestivum*	157	158
AT1G53910.1	*Arabidopsis thaliana*	159	160
AAM65746	*Arabidopsis thaliana*	161	162
AT3G14230.1	*Arabidopsis thaliana*	163	164
AT3G14230.2	*Arabidopsis thaliana*	165	166
AT3G14230.3	*Arabidopsis thaliana*	167	168
AT3G16770	*Arabidopsis thaliana*	169	170
Os07g42510	*Oryza sativa*	171	172
Os03g08490	*Oryza sativa*	173	174
Os03g08500	*Oryza sativa*	175	176
AT1G72360	*Arabidopsis thaliana*	177	178
Os03g08460	*Oryza sativa*	179	180
Os05g29810	*Oryza sativa*	181	182
Os03g22170	*Oryza sativa*	183	184
Os10g25170	*Oryza sativa*	185	186
Os09g11460	*Oryza sativa*	187	188
AAK95687	*Lycopersicon esculentum*	189	190
Os09g11480	*Oryza sativa*	191	192
AAQ91334	*Lycopersicon esculentum*	193	194
AAR87866	*Lycopersicon esculentum*	195	196
AT1G80580	*Arabidopsis thaliana*	197	198
AAP40022	*Nicotiana tabacum*	199	200
CAE54591	*Fagus sylvatica*	201	202
CAD21849	*Fagus sylvatica*	203	204
ABD65407	*Capsicum annuum*	205	206

AAP72289	*Capsicum annuum*	207	208
AAS20427	*Capsicum annuum*	209	210
AAX07458	*Gossypium hirsutum*	211	212
AAT77192	*Gossypium barbadense*	213	214
AAX20013	*Gossypium hirsutum*	215	216
AAX68526	*Gossypium hirsutum*	217	218
AAX68525	*Gossypium hirsutum*	219	220
AAT77191	*Gossypium barbadense*	221	222
AAV51937	*Gossypium hirsutum*	223	224
AAV85777	*Gossypium hirsutum*	225	226
AAX07460	*Gossypium hirsutum*	227	228
AAX84670	*Manihot esculenta*	229	230
AAW33881	*Populus alba x Populus tremula*	231	232
BAE71206	*Trifolium pratense*	233	234
AAQ10777	*Glycine max*	235	236
AAL67489	*Narcissus pseudonarcissus*	237	238
CAA05084	*Arabidopsis thaliana*	239	240
ABE84970	*Medicago truncatula*	241	242
ABE80536	*Medicago truncatula*	243	244
AAC29516	*Solanum tuberosum*	245	246
BAC56862	*Solanum tuberosum*	247	248
AAS01337	*Coffea canephora*	249	250
AAZ14085	*Hordeum vulgare*	251	252
BAD01556	*Cucumis melo*	253	254
BAF43419	*Malus x domestica*	255	256

Exemplo 10: Alinhamento de seqüências de polipeptídeo AP2-2

Alinhamento de seqüências de polipeptídeos foi realizado usando o programa AlignX do Vector NTI (Invitrogen) que é baseado no algoritmo popular Clustal de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25:4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31:3497-3500). Valores padrão são para a penalidade de abertura de lacuna de 10, para a penalidade de extensão de lacuna de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos estão alinhados). Resultados em Figura 7 mostram que polipeptídeos AP2-2 compartilham regiões de alta

conservação de seqüência. Motivos XII a XVII são sublinhadas para Os06g09390 (SEQ ID NO: 132).

Exemplo 11: Cálculo de identidade percentual global entre seqüências de polipeptídeos úteis para realizar os métodos da invenção

Porcentagens globais de similaridade e identidade entre seqüências de polipeptídeos de comprimento completo úteis para realizar os métodos da invenção foram determinadas usando um dos métodos disponíveis na arte, o aplicativo computacional MatGAT (Ferramenta de Alinhamento Global de Matriz) (BMC Bioinformatics. 2003 4:29. MatGAT: an application that generates similarity/identity matrices using protein or DNA sequences. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; aplicativo computacional hospedado por Ledion Bitincka). Aplicativo computacional MatGAT gera matrizes de similaridade/identidade para seqüências de DNA ou proteína sem precisar de pré-alinhamento dos dados. O programa realiza uma série de alinhamentos pareados usando o algoritmo de alinhamento global de Myers e Miller (com uma penalidade de abertura de lacuna de 12, e uma penalidade de extensão de lacuna de 2), calcula similaridade e identidade usando por exemplo Blosum 62 (para polipeptídeos), e então coloca os resultados em uma matriz de distância. Similaridade de seqüências é mostrada na metade de baixo da linha divisora e identidade de seqüência é mostrada na metade de cima da linha divisora diagonal.

Parâmetros usados na comparação foram:

Matriz de pontuação: Blosum62
Primeira Lacuna: 12
Lacuna de extensão: 2

Resultados da análise de aplicativo computacional são mostrados em Tabela **15** para a similaridade e identidade global no comprimento completo das seqüências de polipeptídeos (excluindo as seqüências de polipeptídeos parciais). Identidade percentual é dada acima da diagonal e similaridade percentual é dada abaixo da diagonal.

A identidade percentual entre as seqüências de polipeptídeos de comprimento completo úteis para realizar os métodos da invenção pode ser tão baixa quanto 20% de identidade de aminoácidos comparada com SEQ ID NO: 132. A identidade de seqüências será maior quando domínios específicos, tal como o domínio AP2 são comparados.

Tabela 15: Resultados de MatGAT para similaridade e identidade global no comprimento completo das seqüências de polipeptídeos.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1. SEQID 132		27,7	63,3	29,8	38,3	62,4	24	59,5	40,8	61,1	58,2	37,2	37,2	37,1	37
2. SEQID 140	37,8		27,2	43,9	29,7	26,6	36,4	27,5	26,5	26,2	25,7	29,1	29,1	27,4	27,7
3. SEQID 142	76,5	35,8		29,9	33,1	90,8	24,5	55,9	39	94,6	88,5	35,9	35,9	36,7	37,3
4. SEQID 144	37,6	55,6	35,5		31,1	30,3	41,1	27,6	25	28,7	29,2	27,7	27,9	27,2	27,5
5. SEQID 146	50,6	37,7	48,2	39,5		32	24,9	36,1	33,2	30,7	30,2	34,3	34,3	32,1	32,4
6. SEQID 148	74,9	35,2	94,4	35,2	47		25,2	56,5	38,6	87,4	88	36,2	36,2	37,6	37,9
7. SEQID 150	31,8	48,1	32,1	52,7	34,1	32,1		23,6	22,2	23,9	24,7	26,3	26,3	24,8	25,3
8. SEQID 152	74,8	35,1	69,9	34,2	47,1	69	31,2		42,7	53,5	53,6	39,9	39,9	36,1	36,3
9. SEQID 154	54	33,6	51,5	32,6	45,7	51	28	56,1		37,3	36,1	36,8	36,8	35	35,3
10. SEQID 156	73,2	33,8	96,1	34,6	46,5	91,3	31,5	67,1	50		85,1	34,8	35,1	35,9	36,3
11. SEQID 158	70,7	34,6	89,9	36,1	45,8	90	34	66,6	48	86,8		32,5	32,5	34	34,4
12. SEQID 160	53,3	38,5	54,2	35,8	48	52,5	33	53,7	50	53,6	49,2		99,4	62,2	62,8
13. SEQID 162	53,3	38,5	54,2	35,8	48	52,5	33	53,7	50	53,6	49,2	100		62,2	62,8
14. SEQID 164	56,7	34,3	54,4	33,5	47,2	54,6	29,6	55,4	49,7	54,1	50,1	70,7	71		98,9
15. SEQID 166	57,1	34,7	54,7	33,9	47,7	54,9	30,4	55,7	49,7	54,7	50,7	71,7	72	98,9	
16. SEQID 168	57,2	34,8	54,8	34	47,9	55,1	30,2	55,6	51	54,8	50,8	71,9	72,2	98,7	99,7
17. SEQID 170	41,2	47,2	38,9	46,4	41,3	38,4	46,8	38,6	36,9	37,5	38,3	40,8	40,8	39,6	40
18. SEQID 172	51,9	34,8	52,1	38,9	52	54,4	32,2	50,4	43,9	49,9	52,9	46,6	46,6	44,3	43,7
19. SEQID 174	46,4	34,9	43,4	40,8	51,2	46,7	31,5	48,2	40,9	42,8	44	43,3	43,6	42,2	42,7
20. SEQID 176	50	38,6	49,6	40,1	52,7	49	32,8	48,2	44,7	47,6	45,5	48	48	44,6	45,1
21. SEQID 178	41,7	46,9	44,5	47,7	47	45	44,3	42,5	39,6	42,5	44,6	45	45,3	39,6	40,3
22. SEQID 180	47,5	36,5	40,8	35,9	44,9	42,1	32,8	44,1	38,1	39,4	42,8	46,6	46,6	42,7	42,4
23. SEQID 182	32,3	50	32,7	50,7	36,8	33,2	47	32,1	31,1	31,5	32,2	31,8	31,8	32,5	32,8
24. SEQID 184	39	55,1	37,2	53,5	43,1	39,8	44,9	37,3	36,9	36,6	39,8	36,3	36,3	34,3	34,7
25. SEQID 186	40,6	35,7	42	41,3	50,6	42,1	32	44,4	42,7	42,5	40,7	39,7	39,7	40,1	39,5
26. SEQID 188	31,8	37,9	34,1	41,4	39,2	33,8	38,4	32,1	33,1	33	35,8	34,1	34,1	33	33,6
27. SEQID 190	60,2	34,1	59,1	36,8	48,1	59,4	33,6	58,9	54,3	57,5	54,6	59,7	59,7	60,7	61,3
28. SEQID 192	39,5	41,2	38	42	38,6	39,8	38	38,9	37,4	36,9	39,5	39,4	39,4	38	39,5
29. SEQID 194	53,9	37	54,6	38,2	47,9	55,3	34,9	50,1	46,7	53,2	53,6	57,5	57,5	58,3	57,6
30. SEQID 196	44,2	48,8	44,5	51,2	41,3	43,8	49,2	40,5	37,6	41,4	41,9	39,1	39,1	41,2	40
31. SEQID 198	29,6	35,5	33,5	34	33,2	32,7	32	32,3	29,5	34,1	35,2	33,8	33,8	31,1	31,5

32. SEQID 200	56,6	32,8	55,6	37	49,9	55,3	33,3	56,1	52,3	54	51,4	61,5	61,5	62,8	62,8
33. SEQID 202	56,6	34,9	57,4	37,6	49,7	57,9	31	60,8	56,8	55,3	53,4	63,8	64	64,1	64,3
34. SEQID 204	56,5	34,1	57,6	37,6	49,3	57,6	30,7	60,5	55,1	56,3	53,3	62,7	62,9	62,8	63,5
35. SEQID 206	60	34,1	57,9	36,5	50,4	58,9	32,5	57,6	52,5	56,5	53,3	59,5	59,5	59,6	60,3
36. SEQID 208	59,1	32,8	56,6	35,2	49,3	57,7	32	56,6	51,3	55,3	52	58,5	58,5	58,6	59,2
37. SEQID 210	44,2	48,5	43,4	52,3	42,8	43,3	45,8	42,7	39,6	40,8	42,5	43,6	43,6	41,7	41,3
38. SEQID 212	55,4	34,9	51,8	34,6	50	53,3	33,1	57,4	57,6	50	47,7	64,6	64,9	65,6	65,4
39. SEQID 214	50,3	37	49,6	38,6	46,1	51,3	37	48,8	44,9	47,3	52,1	54,2	54,5	53,6	54,1
40. SEQID 216	53,5	30,8	50,8	34,1	49	51,8	33,1	52,8	55,6	49,2	48,2	59,8	60,1	59,8	59,6
41. SEQID 218	39	43,3	40	45,6	41,6	37,2	42,1	40	37,9	37,7	41	39,9	39,7	39,3	38,4
42. SEQID 220	38,7	45,3	42	47,3	42,5	40,4	46,5	37,5	40,7	37,2	40,4	40,5	40,5	40,4	40
43. SEQID 222	32,6	47,7	32,7	49,3	35,3	33	51,5	32,9	31,3	30,4	31,3	33,2	33,2	33,5	34,7
44. SEQID 224	39,2	45,9	40,8	45,1	40,4	39,5	45,9	38,9	39,4	39,4	37,7	41,1	41,1	38,8	38,9
45. SEQID 228	40,6	43,5	39,4	45,4	41,9	40,1	42,4	40,8	38,9	37,5	39,8	39,1	39,1	39,8	40,5
46. SEQID 230	58	34,1	53,5	38,1	48	57	32	59,3	59,3	51,7	53,5	64,8	64,8	64,6	64,6
47. SEQID 232	56,6	33,9	51,3	36,1	47,4	51,6	31,8	56,1	53,8	52,1	49,2	60,3	60	61,3	61,1
48. SEQID 234	56,9	35,1	52,7	35,3	48,1	53,2	31,7	53,8	54,5	50,9	50,6	57,4	57,4	61	61,3
49. SEQID 236	55,7	35,2	52,9	35,4	45,8	53,1	33,3	57	56,8	49,7	50,8	55,7	56	59,4	59,1
50. SEQID 240	40,6	46,3	42,5	47,2	40,4	41,3	46,3	39,5	36,9	39,4	41,3	39,7	39,7	39,8	40,3
51. SEQID 242	42,5	40,7	44,8	43,9	40,7	44,7	43	42,2	37,6	43,1	43,4	44,1	44,1	43	43,7
52. SEQID 244	33,4	40,8	29,6	38,3	32,9	32,1	41,7	32,9	27,8	28,7	31,9	35,2	35,5	32,5	32,8
53. SEQID 246	46,1	42,6	41,4	47,3	42,8	41,3	41,6	41,6	39,4	41,7	40,4	41,6	41,1	40,6	40,8
54. SEQID 248	42,3	46,6	40,6	45,1	42,2	40,7	43,6	37,8	37,9	39,2	39,8	42,2	42,2	41,2	41,1
55. SEQID 250	43,4	40,1	44,8	43,2	48,5	45,6	37,7	45,5	42,7	43,7	44,3	43	43	42,5	42,9
56. SEQID 252	46,7	38,4	47,3	39,6	60,5	47,9	34,1	47,9	42,4	45,9	48,5	44,7	45,8	42,5	42,9
57. SEQID 254	43,4	49,5	44,2	51,6	44,9	43,8	46,2	40,5	40,2	42,5	44	43	43	40,1	40
58. SEQID 256	36,2	44,8	38,3	45,6	40,4	39,5	45,2	36,4	36,6	36,3	38,9	38,3	38,3	38	38,7

	16	**17**	**18**	**19**	**20**	**21**	**22**	**23**	**24**	**25**	**26**	**27**	**28**	**29**	**30**
1. SEQID 132	**37,6**	**29,6**	**38,3**	**30,1**	**34**	**26,5**	**29,6**	**26**	**27,2**	**27,9**	**23,7**	**41,4**	**27,7**	**38,4**	**32,2**
2. SEQID 140	**27,8**	**34,1**	**28,7**	**27,7**	**27,6**	**34,1**	**26,1**	**40,3**	**45,8**	**28,5**	**26,6**	**26,9**	**32,5**	**28,7**	**36,7**
3. SEQID 142	**37,4**	**28,5**	**35,2**	**30,7**	**32,4**	**29,1**	**26,6**	**25,8**	**28,2**	**27,8**	**23,5**	**40,1**	**25,3**	**36,7**	**32,8**
4. SEQID 144	**27,5**	**35,9**	**30,6**	**32**	**31,3**	**33**	**29,8**	**41,6**	**39,3**	**31,4**	**28,8**	**29,4**	**30,2**	**31,2**	**43,5**
5. SEQID 146	**32,5**	**29,3**	**36,3**	**35,7**	**37,5**	**29,5**	**30,2**	**27,5**	**30,3**	**35,9**	**27,6**	**35,4**	**29,7**	**35,4**	**30,3**
6. SEQID 148	**38**	**28,4**	**36,9**	**31,6**	**32**	**30,3**	**26,9**	**26,9**	**28,7**	**29,3**	**23,5**	**40,9**	**26,5**	**38**	**33,3**
7. SEQID 150	**25,7**	**33,3**	**25,1**	**24**	**24,6**	**31,7**	**21,8**	**36,7**	**31**	**24,2**	**26,9**	**28**	**28**	**25,4**	**38,1**
8. SEQID 152	**36,4**	**28,3**	**37,2**	**32**	**31,6**	**30,1**	**27,9**	**25,8**	**28,6**	**32,2**	**23,4**	**42**	**28,7**	**37,5**	**31,1**
9. SEQID-154	**35,7**	**25,3**	**31,7**	**30,1**	**31**	**26,2**	**23,8**	**24,7**	**28,8**	**28,1**	**23,6**	**37,8**	**26,2**	**33,6**	**27,5**
10. SEQID 156	**36,4**	**27,3**	**33,2**	**30,2**	**31,4**	**27,7**	**24,6**	**24,7**	**24,5**	**26,2**	**22,4**	**39**	**24,2**	**35,3**	**30,5**
11. SEQID 158	**34,5**	**28**	**33,7**	**29,3**	**28,3**	**29,1**	**25,3**	**25,8**	**27,8**	**26,6**	**23,6**	**37,1**	**25,9**	**34,9**	**30,1**
12. SEQID 160	**63**	**28,5**	**32,4**	**28**	**30,2**	**31,3**	**27,3**	**24,9**	**25,7**	**27,2**	**24,9**	**43,4**	**29,1**	**42,9**	**28,9**

13. SEQID 162	63	28,5	32,4	28,2	30,2	31	27,3	24,9	25,7	27,2	24,7	43,7	29,1	42,9	28,9
14. SEQID 164	98,7	29,3	32,6	27,9	29,9	27,7	26,1	24,5	26,3	27,1	24,1	42,5	27,9	44	29,1
15. SEQID 166	99,7	29,6	31,9	28,2	30,2	28,3	26,4	24,8	26,6	27,9	24,9	42,9	29,6	43,9	28,3
16. SEQID 168		29,7	31,9	28,3	30,3	28,1	26,7	24,9	26,7	28,5	23,9	43	29,4	44,8	29,5
17. SEQID 170	40,1		30,7	29,6	29,3	31,6	24,8	36,1	35,6	28,5	26,5	28,9	30,4	31,6	34,9
18. SEQID 172	43,6	40,6		31,4	32,6	30,1	28,3	28,8	28,5	32,5	24,4	33,8	26,4	32,5	28,1
19. SEQID 174	42,8	42,7	46,2		47,1	30,5	30,9	30,5	28,9	35,3	24,5	29,3	28,8	27,4	28,7
20. SEQID 176	45,2	41,3	50,3	59,3		28,9	30,3	27,9	29,2	34,3	24,6	29,8	28,5	29,9	29,7
21. SEQID 178	40,1	45	45,6	44,5	45,9		27	30,2	28,6	26,1	27,9	31,4	28,4	31,2	33,7
22. SEQID 180	42,8	38	42,1	47,2	47,1	41,4		25,8	25	26,5	26,1	28	27,5	30	24,7
23. SEQID 182	32,9	46,8	39,2	38	37,7	42,7	35		37,4	27,6	28,6	23,9	33,5	26,6	31,3
24. SEQID 184	34,5	48,8	38,6	40,5	38,6	43,1	37,1	44,4		30,6	27,2	24,6	30,6	28,3	35,4
25. SEQID 186	39,6	40,7	45	51,2	50,2	39,8	38	33,9	37,9		26,9	29,2	28,5	27,3	26,6
26. SEQID 188	33,7	44	33	37,4	36,8	41,6	35,3	37,9	39,5	39,8		23,3	41,3	25,7	25,2
27. SEQID 190	61,5	39,2	49,7	44,9	45,2	46,2	45,4	32,5	34,7	43	33,9		27,1	52,8	32,8
28. SEQID 192	39,6	43,2	37,1	39,9	39,8	47,7	41,4	40,8	43,6	37,6	56,4	37,4		29,5	26,5
29. SEQID 194	59,1	42,2	45,3	47,1	46,5	45,3	45	36,4	38,8	43,1	37	66,9	41,9		31
30. SEQID 196	41,4	51,2	39,8	41,4	42,2	53,1	39,6	41,5	50,8	38,2	42,7	45,4	44,6	43,4	
31. SEQID 198	31,6	43,8	33,9	35,2	30,4	42	34	36,3	40,6	33,5	39,5	34,4	41	32,1	41,5
32. SEQID 200	62	40,8	47,8	41,3	44,4	44,2	45	32,6	32,6	40,3	33,9	80,4	37,5	73,9	42,4
33. SEQID 202	64,3	38,4	47,9	45,8	47,9	44,7	46,6	32,5	36,8	41,3	35,2	71,7	35,2	62,2	44,7
34. SEQID 204	63,5	38,1	48,3	45,6	47,5	43,5	45,9	31,7	36	41,1	33,6	71,7	35,7	61,3	45,1
35. SEQID 206	60,3	41,9	50,7	44	46,4	45,1	44,8	33,9	36	39,7	36,3	90,7	38,4	66,7	46,1
36. SEQID 208	59,4	41,7	49,6	43,9	47,4	45,5	46,1	34,4	36,3	40,1	36,6	89,2	38,8	67,8	46,1
37. SEQID 210	42,2	55,7	43	43,6	43,2	50,8	40,5	41,3	51,1	37,9	40,5	45,7	46,2	43,4	81,4
38. SEQID 212	65,9	40,3	47,4	43,1	45,9	43,6	43,1	33,3	33,8	41,3	33,3	67,2	35,4	57,4	44,4
39. SEQID 214	54,3	40,8	44,7	43,9	44,1	47,6	41,1	34,5	37	41,9	32,9	58,9	36,7	53,5	48,6
40. SEQID 216	59,8	35,6	49,2	43,4	45,7	42,7	42,2	30,3	32,6	39,9	33,1	63,9	35,9	55,1	41,4
41. SEQID 218	38,2	62,5	39,2	39,9	41,6	50,8	44,5	44,4	40,6	37,9	41,8	40,1	42,5	44,3	50,6
42. SEQID 220	40,6	59,4	38	38,6	40,1	48,1	40,5	47,3	45,3	38,5	44,1	38,4	43	43,4	50,8
43. SEQID 222	34,5	50,8	32,5	30,8	35	42,7	35,9	51	40,7	34,5	44,4	32,5	41,2	38,5	41,9
44. SEQID 224	38,8	60,4	38	39,6	40,4	47,3	41,4	45,9	45,9	38,2	42	38,2	43,9	42,5	50
45. SEQID 228	40,4	62,6	40,1	39,6	41,3	50,4	42,3	44,3	42	39,8	43,5	41,1	42,7	45	51,1
46. SEQID 230	64,3	39,9	50,4	45,1	46,5	45,9	44,4	33,3	34,9	42	36	69,3	36,2	61,2	43,6
47. SEQID 232	61,8	39,2	46,3	40,8	43,4	43,7	43,4	31,3	35,8	38,4	32,6	67,4	36,8	56,8	42,1
48. SEQID 234	61,3	39	43,9	42,3	47	44,2	47,3	32,5	36,1	39	33	63,4	37,7	54,3	42,3
49. SEQID 236	59,4	39,6	45,6	44,5	46,9	43,2	41,9	33,3	37	39,1	33,6	63,5	35,4	53,1	41,9
50. SEQID 240	40,4	94,4	39,8	40,2	42,9	44,7	40,5	45,9	50	37,6	43,1	41,1	42	43,4	51,9
51. SEQID 242	43,6	47,2	43,6	42,1	41,3	44,9	43,3	37,4	42,3	37,9	34,1	48,4	39	48,3	58
52. SEQID 244	31,8	47,6	29,5	33,3	33,1	45	33,1	35,4	39,1	32,3	42,9	33,6	39,6	36,4	41,2
53. SEQID-246	41,2	46	41,8	41,7	41,9	47,7	44,5	35,2	43,6	37,6	37,6	48,4	41,6	45	81,2

54. SEQID 248	40,4	62,1	43	39,6	42,2	51,1	43,6	46,2	47	41,3	42,4	41,9	47	47,1	53,8
55. SEQID 250	43	45,9	47,4	45,3	45	42,6	44,4	37,7	43,8	44,7	35,6	50,5	40,4	48	55,3
56. SEQID 252	43,9	40,9	47,7	45,4	51,4	46	43,9	36,6	40,2	45,7	35,4	46,8	39,9	46,6	41,8
57. SEQID 154	40,4	55,7	41,8	44,2	43,2	52	41,1	41	46,9	38,2	38,5	45,2	42,9	42,8	63,7
58. SEQID-156	39,3	58,3	37,4	38,6	41,3	46,2	40,8	44	46	40,4	40,9	36,8	42,5	42,8	50

	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45
1. SEQID 132	20,3	41,3	41,2	41	40,3	39,4	31,4	42	34,5	38,4	26,8	29,5	24,2	28,2	27
2. SEQID 140	24	25,8	27	26,4	25,1	26,3	36,6	26,9	26,8	25,5	33,1	33,3	35,4	33,1	33,7
3. SEQID 142	21,5	40,3	41,2	40,5	38,7	37	29,9	38,4	34,3	35,7	26,3	28	24	27,9	26,2
4. SEQID 144	24,1	30,1	30,4	30,2	28,9	28,5	42,8	27,8	29,4	27,3	34,2	37,5	33,9	37	34,8
5. SEQID 146	21,5	36,8	34,5	33,8	36,9	36,2	29,7	35	29,4	34,9	29,3	29,1	25,1	28,3	27,8
6. SEQID 148	21,2	41,3	43,1	42	40,6	38,9	31,2	39,9	35,6	37,2	27,4	27,8	24,4	27,7	27,2
7. SEQID 150	23	26,9	26,1	25,8	26,7	26,3	39,4	25,6	26,3	25,3	33,7	34,8	35,8	34,8	32,8
8. SEQID 152	21	41,1	43	43	41,1	40,1	29,8	43,2	35,9	39,7	27	29,1	25,2	28	27,2
9. SEQID 154	20,8	37,1	40	38,7	35,9	35,5	28,3	38,8	30,8	38,1	27,2	29,4	23,5	27,9	26,7
10. SEQID156	21,3	39,5	39,9	39,5	38,5	36,8	28	36,9	32,5	34,6	25,8	26,2	22,6	27,6	25,1
11. SEQID 158	23,7	38,1	40	38,8	36,8	35,1	29,6	35,4	35,7	34,2	25,7	26,8	22,7	26,5	26,5
12. SEQID 160	23,2	47,2	48,8	47,9	44,3	43,6	32,2	52,1	39,1	46,6	28,4	30,7	25,4	30,1	28,4
13. SEQID 162	23,2	46,9	48,8	47,6	44,1	43,3	32,2	52,1	39,1	46,6	28,4	30,9	25,4	30,4	28,4
14. SEQID 164	21,8	45,8	47	45,3	43,9	43,9	29,8	50,9	38,2	45,8	28,5	30,3	24,8	30	29
15. SEQID166	21,5	46	47,3	45,5	43,8	43,8	30,1	51,1	38,8	46	28	30,1	24,3	29,8	28,3
16. SEQID 168	21,3	45,9	47,6	45,9	44,4	44,4	30,2	52,5	39,2	46,6	28,3	31	24,3	29,9	28,3
17. SEQID 170	24,5	30,8	28,1	28,3	30,8	30,2	36,9	28,5	27,3	26,1	45	44,1	39,2	44,3	45,2
18. SEQID172	21,6	34,3	32,2	32,2	34	33,2	28,9	34,3	28,8	36,2	27	28,4	25,6	25,4	27,5
19. SEQID 174	23,5	26,9	30,2	29,9	28,3	27,8	28,4	28	24,9	27,8	25	25,9	22	27,9	24,9
20. SEQID 176	19	30,4	31,2	31,3	29,7	29,8	28,5	30,1	25,9	30,3	25,2	26,7	23,1	28	25,8
21. SEQID178	23,9	32,5	33,2	33,2	31,4	31,9	32,7	32	31,5	31,5	33,9	31	28,6	31,4	33,1
22. SEQID 180	20,5	27,9	29,8	29,2	27,6	28,3	24,8	27,3	22,1	25,2	27,2	26,4	23	26,1	25,8
23. SEQID 182	24,2	24	24,3	24,5	24,8	25,1	32	24,4	24,5	23,7	35,2	37,5	33,2	37,4	35,5
24. SEQID 184	24,9	24,5	27,1	26,5	24,9	25,6	36	25,4	25,4	24,4	29,6	30,5	26,8	31	29,4
25. SEQID 186	23,1	27,6	28	27,7	27,3	26,2	25,2	28,5	24,2	27,9	25,8	24,8	23,1	25,5	25,5
26. SEQID 188	23,8	24,7	23,3	22	24,9	25,3	25,1	24,3	20,9	23,6	28,2	27,8	26,9	25,6	27
27. SEQID 190	21	69,5	54,9	54,5	84,3	82,1	33,6	51,3	44,6	49,5	28,7	27,6	23,9	28,2	29
28. SEQID 192	26,7	26,7	25,2	25,2	26,5	27,2	27,1	26,1	23,5	27	27,4	29,1	27,9	28,4	27
29. SEQID 194	21,3	68,5	48,7	48,3	54,5	55,4	31,7	44,9	35,9	44,2	30,4	31,6	28,4	31,3	30,7
30. SEQID 196	21,9	32,3	32,5	32,7	35,2	34	72,7	32,3	34,2	28,9	32,3	33,9	28,7	33	32,9
31. SEQID 198		20,9	18,9	18,8	20,2	20,5	23	22,1	21	20,9	24,3	24,4	26,5	24,9	25,3
32. SEQID 200	31,5		59,9	59,5	69,4	67,4	32,3	55,1	45,4	52,9	28,1	28,8	23,5	28,5	27,3
33. SEQID 202	30,7	72,9		96,3	56,1	55,1	33,2	66,1	54	58,6	30,5	28,5	24,1	28,9	30,7
34. SEQID204	30,7	71,8	97,1		55,8	54,7	33,5	65,1	53	57,1	29,7	28,9	24,3	27,7	30,4
35. SEQID 206	32	81,1	72,2	72		97,3	34,4	53,5	45,8	49,5	28,8	28,9	25,3	27,2	28,8

36. SEQID-208	32,8	79,1	70,6	70,4	97,9		**33,5**	**52,5**	**44,7**	**48**	**28,4**	**28,1**	**24,7**	**27,1**	**28,4**
37. SEQID 210	43,6	43,2	43,7	43,2	45,9	46,6		**32,1**	**32**	**30,6**	**35,8**	**36,5**	**32,5**	**32,4**	**36**
38. SEQID 212	31,8	69	79,7	78,7	68,7	67,4	42,8		**75,1**	**69,5**	**27,9**	**29**	**25,4**	**29,2**	**29,5**
39. SEQID 214	33,5	56,1	66,9	66,1	58,7	58,3	46,4	77,7		**52,9**	**25,4**	**26,9**	**23,4**	**25,9**	**26,7**
40. SEQID 216	32,3	64,9	72,5	70,7	63,9	61,6	40,9	83,1	64,4		**27**	**29,5**	**24**	**29,2**	**27,5**
41. SEQID 218	43,7	42,6	41,3	40	40,5	39,3	51,1	40,3	40,1	37,6		**62,8**	**65,8**	**61,9**	**95,8**
42. SEQID 220	41,8	40,6	37,8	38,1	41,1	39	54,5	36,9	39,2	36,4	74,3		**47,3**	**94,1**	**64,2**
43. SEQID 222	38,7	35,1	33,1	33,3	33,1	33,3	44,3	34,1	33,2	32,8	69	54,3		**46,5**	**68,8**
44. SEQID 224	40,6	40,3	39,4	38,1	36,8	37,4	49,2	37,9	38,9	36,9	72,8	96,9	54,1		**62,4**
45. SEQID 228	42,4	43,2	42,9	41,9	40,3	38,8	52,3	41,8	41,1	38,6	97,3	74,8	70,2	73,3	
46. SEQID 230	31,5	72,1	79,5	76,9	70,1	68	44,4	77,7	65,1	70,5	39,6	39,1	34,4	36,5	40,9
47. SEQID 232	30,5	68,2	74,5	72,9	68,2	66,3	42,4	74,1	62,6	65,4	38,4	40,5	31,6	38,9	40,5
48. SEQID 234	28,8	65,6	68,3	66,5	63,4	61,3	43,9	65,9	54,5	64,4	39,7	41,6	33	38,7	39,7
49. SEQID 236	28,6	63,8	69,8	67,2	65,4	63,5	44,5	70,3	57,8	64,6	40,4	40,1	34,4	39,6	41,9
50. SEQID 240	42,6	39,5	38,4	38,7	42,4	42,3	54,5	37,2	40,4	36,4	61,3	58,2	52	60,8	63,4
51. SEQID 242	36,1	47,3	45,5	45,3	46,7	46,6	59	46,9	46,7	43,4	45,6	45,9	37	45,2	45,6
52. SEQID 244	40,2	32,6	31	31,2	33,9	33,9	42,8	31,5	35,1	31,1	42,9	43,8	40,8	42,4	40,8
53. SEQID 246	39,3	42,9	44,4	44,5	47,5	47,4	75,5	46,7	51,4	42,9	43,3	47	37,9	46,3	45
54. SEQID248	40,2	42,9	40,2	39,5	41,3	40,7	55,3	40,3	44,2	37,4	56,1	62,1	49,2	61,4	58
55. SEQID 250	34,3	46,8	45,2	46,9	46,9	46,3	55,6	46,7	47,4	43,4	43,2	43,8	34	41,9	42,6
56. SEQID 252	36	43,7	45,8	43,2	45,1	45	40,9	41,5	43	43,4	38,7	39	29,9	39,9	36,6
57. SEQID254	39,9	42,9	45,5	45,1	46,1	45,5	64,1	44,4	47	43,2	48	49,1	38,5	48	48,7
58. SEQID 256	41,8	39,3	41,3	41,3	37,3	37,4	51,9	40	39,8	38,1	62,5	66	50,4	67,5	61,1

	46	**47**	**48**	**49**	**50**	**51**	**52**	**53**	**54**	**55**	**56**	**57**	**58**
1. SEQID 132	**41**	**41,4**	**40,8**	**41,6**	**28,6**	**29,8**	**21,5**	**33,4**	**27,9**	**32,1**	**33,3**	**31,5**	**26,6**
2. SEQID 140	**28,1**	**27,1**	**26,8**	**27**	**36,4**	**31,3**	**26,8**	**31,8**	**36,4**	**31,1**	**28,4**	**37,8**	**33,2**
3. SEQID 142	**38,8**	**38,3**	**38,6**	**36,2**	**30,3**	**30,5**	**20,2**	**27,2**	**29**	**30,2**	**31,3**	**32,4**	**26,8**
4. SEQID 144	**31,3**	**28,4**	**29,2**	**31,1**	**35,1**	**33,7**	**23,5**	**37,8**	**34,6**	**35**	**30,5**	**43,8**	**36,2**
5. SEQID146	**34,8**	**34,4**	**35,8**	**34,5**	**27,8**	**30,4**	**21,5**	**28,1**	**28,1**	**31,9**	**49,7**	**31,5**	**29,6**
6. SEQID148	**43,4**	**39,7**	**39,8**	**37,9**	**29,5**	**32,2**	**21,5**	**29,4**	**28,9**	**30,3**	**31**	**34,5**	**26,7**
7. SEQID 150	**26,2**	**25**	**24,9**	**25,3**	**33,2**	**33,7**	**29,1**	**34,1**	**35,1**	**31**	**25,5**	**37,7**	**35,7**
8. SEQID 152	**45,3**	**42,4**	**40,8**	**39,5**	**28,3**	**30,4**	**22,1**	**28,6**	**28,1**	**30,7**	**35,7**	**31**	**25,4**
9. SEQID 154	**43,1**	**37,4**	**36,8**	**39,7**	**26**	**27,8**	**19,8**	**27,1**	**27,3**	**30,6**	**30,2**	**28,7**	**27,8**
10. SEQID 156	**39,2**	**37,9**	**37,5**	**34,5**	**28,7**	**27,7**	**19,9**	**27,4**	**27**	**29,1**	**28,8**	**30,8**	**26,8**
11. SEQID 158	**40,9**	**37**	**38,6**	**37**	**29,5**	**29,8**	**21,1**	**27**	**27,4**	**29,2**	**31**	**32,9**	**26,5**
12. SEQID160	**49,3**	**46,3**	**44,8**	**44,4**	**28,3**	**30,8**	**24,1**	**29,9**	**29,7**	**29,3**	**31,1**	**32,2**	**27**
13. SEQID 162	**49,3**	**46**	**45,1**	**44,4**	**28,3**	**30,8**	**24,4**	**29,1**	**30**	**29,3**	**31,6**	**32,5**	**27**
14. SEQID 164	**46,6**	**42,3**	**43,2**	**42,6**	**29,7**	**31**	**22,6**	**28,3**	**29,2**	**29,9**	**30,6**	**29,8**	**28,8**
15. SEQID 166	**47,1**	**42,7**	**43,6**	**42,8**	**30,1**	**31,8**	**21,8**	**28,8**	**29,3**	**30,2**	**30,8**	**29,6**	**28,8**
16. SEQID 168	**46,7**	**42,7**	**44**	**43,1**	**30,1**	**31,4**	**21,7**	**28,6**	**28,8**	**30,3**	**31,9**	**30,2**	**28,6**
17. SEQID 170	**30,2**	**29,1**	**29,1**	**28,4**	**90,8**	**32,5**	**29**	**34,3**	**41,2**	**31,4**	**27,5**	**35,4**	**42,8**

18. SEQID 172	34,9	31,7	31,5	33,5	29,8	28,7	19,5	26,9	29,7	31,5	36	30,1	27,9
19. SEQID 174	31,1	28	28	30,8	29	28,3	21,1	26,9	29,4	28,8	32,4	25,5	28,6
20. SEQID 176	31,6	29,9	32,2	33	28,7	26,5	22,5	28	25,5	27,1	35,9	30,8	27,7
21. SEQID 178	35,5	33,3	31,4	32,2	31,2	28,9	26,6	30,1	31,4	29,3	30	35	30,6
22. SEQID 180	28,2	26,4	29,6	29	26,7	27,1	19,6	24,1	25,7	24,1	27,4	26,8	27,5
23. SEQID 182	24,1	24,5	25,7	26,8	36,2	28,9	23,6	27	33	28	27,7	33,3	35,2
24. SEQID184	27,4	25,7	25,6	26,2	34,9	31,8	23,7	32,8	33,6	30,6	29,8	34,2	33
25. SEQID 186	30	28,3	27	29	28,2	25,4	22,6	25,6	25,8	28	32,4	26,9	28,3
26. SEQID 188	23,6	21,3	22,1	24,8	27,5	23,1	27,9	23	29,1	23,2	25,8	23,4	28,3
27. SEQID 190	52	49,7	46,2	45,1	28,6	37,1	22,2	32,2	28,9	36,1	32,2	35,1	27,2
28. SEQID 192	27,5	26,1	27,8	26,9	29,1	26,4	24,7	24,6	30,4	24,9	28,7	27,4	29,2
29. SEQID194	46,2	45,3	41,8	40,1	31,5	32,8	26,6	31,3	33,2	30,9	32,6	31,4	30,7
30. SEQID 196	34,1	31,4	31	30,9	37,3	44,6	26,2	77,7	33,2	46,2	28,8	51,1	34,9
31. SEQID 198	18,9	19,2	19,9	19,9	23,7	20	24,9	21,4	22,5	23,7	22,8	22,1	25,1
32. SEQID 200	57,4	55,4	48,4	46,9	30,1	35,5	22,1	32,4	31,5	34,5	32	34,5	29,7
33. SEQID 202	67,1	59,2	53,5	54,4	28,6	33,8	20,4	31,5	30,3	33,2	31,1	35	31
34. SEQID 204	66	58	51,1	52,5	28,8	31,1	20,3	31,2	28,6	34	30,5	34,6	31
35. SEQID 206	51,8	49	45,6	45,3	30,2	34,7	22,3	33,5	29,5	34,5	30,7	36,8	28,3
36. SEQID 208	50,3	47,8	44,2	44,2	29,6	34,8	22,4	32,7	28,9	33,4	30,6	36	28,7
37. SEQID 210	33,6	31,4	33,9	34	38,2	44,3	26,8	67,9	37,6	46,3	29,5	48,6	33,9
38. SEQID 212	63,7	57	49,9	52,2	28	34	22,3	31,6	28,4	33,8	31,2	34,3	29,6
39. SEQID 214	50,8	48,2	40,3	43,5	26,1	32,4	20,4	30,6	28,4	31	25,6	34	25,4
40. SEQID 216	57,9	53,2	49,5	48,5	27,3	32,3	19,9	29,9	27,7	31,8	31,6	31	27,4
41. SEQID 218	28,6	26,6	28,8	30,1	44,4	31,5	26,3	29,1	44,6	29,4	25,3	32,2	50
42. SEQID 220	30,4	30,2	30,1	31,2	45,8	32,3	25	31,5	48	30,6	27,9	32,4	52,1
43. SEQID 222	26,5	24,5	24,9	25,6	37,7	26,9	28,8	25,3	37,5	25,6	21	27,1	41,8
44. SEQID 224	28,1	29,1	29,3	29,6	44,5	31,1	24,7	29,9	46,9	29,5	27,5	30,5	51,3
45. SEQID 228	29,4	27,6	29,3	30,7	45,3	31	24,8	29,7	45	30,3	24,9	31,8	49,4
46. SEQID 230		68,5	52,9	51,9	30,8	33,3	22,1	31,9	31,4	35,1	32,9	36	29,1
47. SEQID 232	80,1		46	47,6	27,8	29,5	20,5	30	29,7	35,6	32,9	32,8	27,4
48. SEQID 234	68,3	62,6		69,4	27,5	34	20,3	31,7	28,4	32,5	29,7	32,9	26
49. SEQID 236	69,8	66,4	80,5		28,6	31,9	21,2	30,8	29,4	33,9	30,8	33,1	27,8
50. SEQID 240	39,9	37,9	37,4	41,1		31,3	28,6	33,9	42	32,3	28,4	36,6	40,4
51. SEQID 242	45,4	42,4	46	43,8	45,9		22,3	41,3	33,2	41,7	25,4	52,8	31,3
52. SEQID 244	31,8	31,1	31,9	31,3	47,2	38		23,3	27	23,3	22,2	23,2	28
53. SEQID 246	45,9	41,1	44,2	43	49,3	60,7	38,9		32,8	43,1	26	47,5	31,1
54. SEQID 248	44,6	40	39,5	40,9	60,2	47,2	39,4	48,7		30,5	29,3	33,2	39,9
55. SEQID 250	44,9	48,7	44,9	47,1	44,4	53,8	33,7	56,5	42,9		29,2	46,7	30,2
56. SEQID 252	47,2	45,8	39,5	43,5	40,2	40,9	32,6	42,4	41,8	44,4		26,5	26,9
57. SEQID 254	45,4	41,6	43,1	44,5	57,9	63,6	39,6	61,1	49,8	56,5	38,4		31,9
58. SEQID 256	39,6	36,6	37,1	35,9	58,3	46,9	42,1	45	54,2	41,9	39,9	46,5	

Exemplo 12: Identificação de domínios compreendidos em seqüências de polipeptídeos úteis para realizar os métodos da invenção

O banco de dados Integrated Resource of Protein Families, Domains and Sites (InterPro) é uma interface integrada para os bancos de dados de assinatura comumente usados para buscas baseadas em texto e seqüência. O banco de dados InterPro combina estes bancos de dados, que usam diferentes metodologias e graus variados de informação biológica sobre proteínas bem caracterizadas para derivar assinaturas de proteínas. Bancos de dados colaboradores incluem SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom e Pfam, Smart e TIGRFAMs. Interpro é hospedado no European Bioinformatics Institute no Reino Unido.

Os resultados da varredura de InterPro da seqüência de polipeptídeo como representada por SEQ ID NO: 132 em Tabela **16**.

Tabela 16: Resultados de varredura de InterPro da seqüência de polipeptídeos como representada por SEQ ID NO: 132

Banco de dados	**Número de acesso**	**Nome de acesso**
PRODOM	PD001423	Q9SP16_ORYSA_Q9SP16;
PRINTS	PR00367	ETHRSPELEMNT
GENE3D	G3DSA:3.30.730.10	nenhuma descrição
PFAM	PF00847	AP2
SMART	SM00380	AP2
PROFILE	PS51032	AP2_ERF
SUPERFAMILY	SSF54171	domínio de ligação de DNA

Exemplo 13: Previsão de topologia das seqüências de polipeptídeos úteis para realizar os métodos da invenção (localização subcelular, transmembrana...)

TargetP 1.1 prevê a localização subcelular de proteínas eucariotas. A designação de localização é baseada na presença prevista de qualquer das pré-seqüências N-terminais: peptídeo de trânsito de cloroplasto (cTP), peptídeo de direcionamento mitocondrial (mTP) ou peptídeo sinal de via secretora (SP). Escores nos quais a previsão final está baseada não são probabilidades realmente, e eles não necessariamente adicionam a uma.

Entretanto, a localização com o maior escore é a mais provável de acordo com TargetP, e a relação entre os escores (a classe de confiança) pode ser uma indicação de quão certa é a previsão. A classe de confiança (RC) varia de 1 a 5, onde 1 indica a previsão mais forte. TargetP é mantido no servidor da Technical University of Denmark.

Para as seqüências previstas conterem uma pré-seqüência N-terminal um sítio de clivagem potencial também pode ser previsto.

Diversos parâmetros foram selecionados, tal como grupo de organismo (não vegetal ou vegetal), conjuntos de atalhos (nenhum, conjunto pré-definido de atalhos, ou conjunto de atalhos especificado por usuário), e o cálculo de previsão de sítios de clivagem (sim ou não).

Os resultados de análise TargetP 1.1 da seqüência de polipeptídeos como representada por SEQ ID NO: 132 são apresentados em Tabela 17. O grupo de organismo "vegetal" foi selecionado, nenhum atalho definido, e o comprimento previsto do peptídeo de trânsito requisitado. A localização subcelular da seqüência de polipeptídeos como representada por SEQ ID NO: 132 pode ser o citoplasma ou núcleo, nenhum peptídeo de trânsito é previsto.

Tabela 17: Análise TargetP 1.1 da seqüência de polipeptídeos como representada por SEQ ID NO: 132

Comprimento (AA)	130
Peptídeo de trânsito cloroplástico	0,098
Peptídeo de trânsito mitocondriano	0,339
Peptídeo sinal de via secretora	0,035
Outro direcionamento subcelular	0,797
Localização Prevista	/
Classe de confiança	3
Comprimento previsto de peptídeo de trânsito	/

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

Exemplo 14: Construção de vetor de expressão usando a seqüência de ácidos nucleicos como representada por SEQ ID NO: 131

A menos que de outra forma determinado, técnicas de DNA recombinante são realizadas de acordo com protocolos padrão descritos em (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) ou em Volumes 1 e 2 de Ausubel et al. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Materiais e métodos padrão para trabalho molecular com planta são descritos em Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (UK) e Blackwell Scientific Publications (UK).

O gene *AP2-2* de *Oryza sativa* foi amplificado por PCR a partir de uma biblioteca de cDNA de arroz. O fragmento de PCR do comprimento esperado foi purificado e subseqüentemente clonado em um vetor Gateway® usando tecnologia padrão. O clone de entrada compreendendo SEQ ID NO: 131 foi então usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendida para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor GOS2 de arroz (SEQ ID NO: 39) para expressão raiz

específica foi localizado antes deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão resultante pGOS2::AP2-2 (Figura 23) foi transformado em *Agrobacterium* linhagem LBA4044 de acordo com métodos bem conhecidos na arte.

Exemplo 15: Transformação vegetal

Transformação de arroz

A *Agrobacterium* contendo o vetor de expressão foi usada para transformar plantas de *Oryza sativa*. Sementes maduras secas da cultivar japonesa de arroz Nipponbare foram descascadas. Esterilização foi realizada incubando por um minuto em etanol a 70%, seguido por 30 minutos em 0,2% de $HgCl_2$, seguido por uma lavagem de 15 minutos por 6 vezes com água destilada estéril. As sementes estéreis foram então germinadas em um meio contendo 2,4-D (meio de indução de calo). Depois de incubação no escuro por quatro semanas, calos embriogênicos derivados de escutelo foram excisados e propagados no mesmo meio. Depois de duas semanas, os calos foram multiplicados ou propagados por subcultura no mesmo meio por outras 2 semanas. Pedaços de calo embriogênico foram subcultivados em meio fresco 3 dias antes de co-cultivo (para estimular atividade de divisão celular).

Linhagem LBA4404 de *Agrobacterium* contendo o vetor de expressão foi usada para co-cultivo. *Agrobacterium* foi inoculada em meio AB com os antibióticos apropriados e cultivada por 3 dias a 28°C. As bactérias foram então coletadas e suspensas em meio de co-cultivo líquido para uma densidade (OD_{600}) de cerca de 1. A suspensão foi então transferida para uma placa de Petri e os calos imersos na suspensão por 15 minutos. Os tecidos de calos foram então secados em um papel filtro e transferidos para um meio de co-cultivo solidificado e incubados por 3 dias no escuro a 25°C. 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 calos resistentes que crescem rapidamente se desenvolveram. Depois

de transferência deste material para um meio de regeneração e incubação na luz, o potencial embriogênico foi liberado e partes aéreas se desenvolveram nas próximas quatro a cinco semanas. Partes aéreas foram excisadas dos calos e incubadas por 2 a 3 semanas em um meio contendo auxina a partir do qual elas foram transferidas para o solo. Partes aéreas endurecidas foram cultivadas em alta umidade e dias curtos em uma casa de vegetação.

Aproximadamente 35 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados para uma construção. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação. Depois de uma análise de PCR quantitativo para verificar número de cópias do inserto de T-DNA, apenas plantas transgênicas de cópia única que exibem tolerância ao agente de seleção foram mantidas para colheita de semente T1. Sementes foram então coletadas três a cinco meses depois de transplante. O método produziu transformantes de locus único em uma taxa de até 50% (Aldemita and Hodges1996, Chan *et al.* 1993, Hiei *et al.* 1994).

Transformação de milho

Transformação de milho (*Zea mays*) é realizada com uma modificação do método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Transformação é dependente de genótipo em milho e apenas genótipos específicos são receptivos para transformação e regeneração. A linhagem natural A188 (University of Minnesota) ou híbridos com A188 como um ancestral são boas fontes de material doador para transformação, mas outros genótipos também podem ser usados com sucesso. Espigas são coletadas a partir de planta de milho aproximadamente 11 dias depois de polinização (DAP) quando o comprimento do embrião imaturo é de cerca de 1 a 1,2 mm. Embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e plantas transgênicas são recuperadas através de organogênese. Embriões excisados são cultivados em

meio de indução de calo, então 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 2-3 semanas, ou até que partes aéreas se desenvolvam. As partes aéreas verdes são transferidas de cada embrião para meio de enraizamento de milho e incubadas a 25°C por 2-3 semanas, até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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

Transformação de trigo é realizada com o método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. A cultivar Bobwhite (disponível a partir de CIMMYT, México) é comumente usada em transformação. Embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e plantas transgênicas são recuperadas através de organogênese. Depois de incubação com *Agrobacterium*, os embriões são cultivados *in vitro* em meio de indução de calo, então 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 2-3 semanas, ou até que partes aéreas se desenvolvam. As partes aéreas verdes são transferidas de cada embrião para meio de enraizamento e incubadas a 25°C por 2-3 semanas, até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 soja

Soja é transformada de acordo com uma modificação do método descrito na Patente Norte-Americana de Texas A&M 5.164.310.

Diversas variedades comerciais de soja são receptivas para transformação por este método. A cultivar Jack (disponível a partir da Illinois Seed foundation) é comumente usada para transformação. Sementes de soja são esterilizadas para semeadura *in vitro*. O hipocótilo, a radícula e um cotilédone são excisados a partir de plântulas jovens de sete dias de idade. O epicótilo e o cotilédone remanescente são adicionalmente cultivados para desenvolver nós axilares. Estes nós 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. Partes aéreas regeneradas são excisadas e colocadas em um meio de prolongamento de parte aérea. Partes aéreas de não mais do que 1 cm são colocadas em meio de enraizamento até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 colza/canola

Pecíolos cotiledonares e hipocótilos de plântulas jovens de 5-6 dias de idade são usados como explantes para cultura de tecido e transformados de acordo com Babic et al. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). A cultivar comercial Westar (Agriculture Canada) é a variedade padrão usada para transformação, mas outras variedades também podem ser usadas. Sementes de canola são superfície-esterilizadas para semeadura *in vitro*. Os explantes de pecíolo de cotilédone com o cotilédone acoplado são excisados das plântulas *in vitro*, e inoculados com *Agrobacterium* (contendo o vetor de expressão) banhando a extremidade de corte do explante de pecíolo na suspensão bacteriana. Os explantes são então 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 h de luz. Depois de dois dias de co-cultivo com *Agrobacterium*, os explantes de pecíolo são transferidos para meio MSBAP-3 contendo 3 mg/l de

BAP, cefotaxima, carbenicilina, ou timentina (300 mg/l) por 7 dias, e então cultivados em meio MSBAP-3 com cefotaxima, carbenicilina, ou timentina e agente de seleção até regeneração de parte aérea. Quando as partes aéreas estão com 5 – 10 mm de comprimento, elas são cortadas e transferidas para meio de alongamento de parte aérea (MSBAP-0.5, contendo 0,5 mg/l de BAP). Partes aéreas de cerca de 2 cm de comprimento são transferidas para o meio de enraizamento (MS0) para indução de raiz. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 alfafa

Um clone regenerante de alfafa (*Medicago sativa*) é transformado usando o método de (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839–847). Regeneração e transformação de alfafa é dependente de genótipo e portanto uma planta regenerante é requerida. Métodos para obter plantas regenerantes foram descritos. Por exemplo, estas podem ser selecionadas a partir da cultivar Rangelander (Agriculture Canada) ou qualquer outra variedade comercial de alfafa 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 uso em cultura de tecido (Walker et al., 1978 Am J Bot 65:654-659). Explantes de pecíolo são co-cultivados com uma cultura noturna 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 d no escuro em meio de indução SH contendo 288 mg/ L de Pro, 53 mg/ L de tioprolina, 4,35 g/ L de K2SO4, e 100 μm de acetoseringona. Os explantes são lavados em meio Murashige-Skoog com meia força (Murashige and Skoog, 1962) e colocados no mesmo meio de indução SH sem acetoseringona mas com um agente de seleção adequado e antibiótico adequado para inibir

crescimento de *Agrobacterium*. Depois de diversas semanas, embriões somáticos são transferidos para meio de desenvolvimento BOi2Y não contendo nenhum regulador de crescimento, nenhum antibiótico, e 50 g/ L de sacarose. Embriões somáticos são subseqüentemente germinados em meio Murashige-Skoog com meia força. Plântulas enraizadas foram transplantadas em potes e cultivadas em uma casa de vegetação. 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.

Exemplo 16: Procedimento de avaliação fenotípica

16.1 Configuração de avaliação

Aproximadamente 35 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação para cultivo e colheita de semente T1. Seis eventos, dos quais a progênie T1 segregou 3:1 para presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 plântulas T1 contendo o transgene (hetero e homozigotas) e aproximadamente 10 plântulas T1 carecendo do transgene (nulizigotos) foram selecionadas monitorando expressão de marcador visual. As plantas transgênicas e os nulizigotos correspondentes foram cultivados lado a lado em posições aleatórias. Condições de casa de vegetação foram de dias curtos (12 horas de luz), 28°C no claro e 22°C no escuro, e uma umidade relativa de 70%.

Quatro eventos T1 foram adicionalmente avaliados na geração T2 seguindo o mesmo procedimento de avaliação que para a geração T1 mas com mais indivíduos por evento. Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

16.2 Análise estatística: teste F

Uma ANOVA de dois fatores (análises de variância) foi usada como um modelo estatístico para a avaliação geral de características fenotípicas vegetais. Um teste F foi realizado em todos os parâmetros medidos de todas as plantas de todos os eventos transformadas com o gene da presente invenção. O teste F foi realizado para verificar por um efeito do gene sobre todos os eventos de transformação e para verificar por um efeito geral do gene, também conhecido como um efeito gênico global. O limiar para significância para um verdadeiro efeito gênico global foi ajustado em um nível de probabilidade de 5% para o teste F. Um valor significante de teste F aponta para um efeito gênico, significando que não é apenas a mera presença ou a posição do gene que está causando as diferenças em fenótipo.

16.3 Parâmetros medidos

Medida de parâmetro de biomassa

Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

A área acima do solo de planta (ou biomassa de folhas) foi determinada contando o número total de pixéis nas imagens digitais de partes aéreas vegetais discriminadas do fundo. Foi tirada a média deste valor para as fotos tiradas no mesmo momento dos ângulos diferentes e foi convertido para um valor de superfície física expresso em mm quadrados por calibração. Experimentos mostram que a área acima do solo de planta medida desta maneira se correlaciona com a biomassa de partes aéreas de planta. A área acima do solo é a área medida no momento no qual a planta atingiu sua biomassa de folhas máxima. O vigor precoce é a área acima do solo de planta (plântula) três semanas após germinação. Aumento em biomassa de raiz é expresso como um aumento em biomassa total de raiz (medida como

biomassa máxima de raízes observada durante o tempo de vida de uma planta); ou como um aumento no índice raiz/parte aérea (medido como a proporção entre biomassa de raiz e biomassa de parte aérea no período de crescimento ativo de raiz e parte aérea).

Medidas de parâmetro de semente

As panículas primárias maduras foram coletadas, contadas, ensacadas, etiquetadas com código de barras e então secas por três dias no forno a 37°C. As panículas foram então trilhadas e todas as sementes foram coletadas e contadas. As cascas cheias foram separadas daquelas vazias usando um dispositivo que sopra ar. As cascas cheias foram descartadas e a fração remanescente foi contada de novo. As cascas cheias foram pesadas em uma balança analítica. O número de grãos cheios foi determinado contando o número de cascas cheias que permaneceram depois da etapa de separação. O rendimento total de sementes foi medido pesando todas as cascas cheias coletadas de uma planta. Número total de sementes por planta foi medido contando o número de cascas coletadas de uma planta. Peso de mil sementes (TKW) é extrapolado a partir do número de grãos cheios contados e seu peso total. O Índice de Colheita (HI) na presente invenção é definido como a proporção entre o rendimento total de sementes e a área acima do solo (mm^2), multiplicada por um fator 10^6. O número total de flores por panícula como definido na presente invenção é a proporção entre o número total de sementes e o número de panículas primárias maduras. A taxa de enchimento de grãos como definida na presente invenção é a proporção (expressa como uma%) do número de grãos cheios pelo número total de sementes (ou floretes).

Exemplo 17: Resultados da avaliação fenotípica das plantas transgênicas

Os resultados da avaliação de plantas transgênicas de arroz expressando o ácido nucleico AP2-2 são como segue.

Houve um aumento em rendimento comparado com nulizigotos correspondentes (controles), em particular rendimento de

sementes, expresso como Peso de mil sementes e Índice de Colheita, foi aumentado estatisticamente significante comparado com as plantas de controle. Para o TKW, um aumento geral de 2% em T1 e de 3,4% em T2 foi observado comparado com plantas de controle. No caso de Índice de Colheita, o aumento geral comparado com plantas de controle foi respectivamente 9,2% (T1) e 36,2% (T2).

D) Polipeptídeo tipo APETELA2-70 (tipo AP2-70)

Exemplo 18: Identificação de seqüências tipo AP2-70

Seqüências (cDNA de comprimento completo, ESTs ou genômico) relacionadas a SEQ ID NO: 257 e/ou seqüências de proteínas relacionadas a SEQ ID NO: 258 foram identificadas entre aquelas mantidas no banco de dados Entrez Nucleotides no National Center for Biotechnology Information (NCBI) usando ferramentas de busca de seqüência de banco de dados, tal como a Ferramenta Básica de Alinhamento Local (BLAST) (Altschul *et al.* (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; e Altschul *et al.* (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389-3402). O programa foi usado para encontrar regiões de similaridade local entre seqüências comparando seqüências de ácidos nucleicos ou polipeptídeos com banco de dados de seqüências e calculando a significância estatística de identidades. O polipeptídeo codificado por SEQ ID NO: 257 foi usado para o algoritmo TBLASTN, com configurações padrão e o filtro para ignorar acionamento de seqüências de baixa complexidade. O resultado da análise foi visto por comparação pareada, e ranqueado de acordo com o escore de probabilidade (valor E), onde o escore reflete a probabilidade de que um alinhamento particular ocorra ao acaso (quanto menor o valor E, mais significante o acerto). Em adição a valores E, comparações também foram pontuadas por identidade percentual. Identidade percentual se refere ao número de nucleotídeos (ou aminoácidos) idênticos entre as duas seqüências de ácidos nucleicos (ou polipeptídeos) comparadas ao longo de um comprimento particular. Em algumas instâncias, os

parâmetros padrão podem ser ajustados para modificar a estringência da busca.

Tabela 18 fornece uma lista de seqüências de ácidos nucleicos e de proteínas relacionadas à seqüência de ácidos nucleicos como representada por SEQ ID NO: 257 e a seqüência de proteínas representada por SEQ ID NO: 258.

Tabela 18: Seqüências de ácidos nucleicos codificando AP2-70 e polipeptídeos AP2-70 úteis nos métodos da presente invenção.

Nome	Organismo fonte	Ácido nucleico SEQ ID NO:	Polipeptídeo SEQ ID NO:	Estado
	Oryza sativa	257	258	Comprimento completo
	Oryza sativa	259	260	Comprimento completo
NP_001049235.1	Oryza sativa	261	262	Comprimento completo
ABB90886.1	Triticum aestivum	263	264	Comprimento completo
AAZ08560.1|	Triticum aestivum	265	266	Comprimento completo
AAX13274.1	Triticum aestivum	267	268	Comprimento completo
NM_001054677.1	Oryza sativa	269	270	Comprimento completo
ABK28776.1	Arabidopsis thaliana	271	272	Comprimento completo
BAD37688.1	Oryza sativa	273	274	Comprimento completo
ABB89754.1	Asparagus officinalis	275	276	Comprimento completo
ABJ09421.1	Aloe vera	277	278	Comprimento completo
AAT39542.1	Gossypium hirsutum	279	280	Comprimento completo
AAF17691.1	Arabidopsis thaliana	281	282	Comprimento completo
NP_177931.1	Arabidopsis thaliana	283	284	Comprimento completo
NP_195688.1	Arabidopsis thaliana	285	286	Comprimento completo
AAM08622.1	Oryza sativa	287	288	Comprimento completo
ABB89755.1	Broussonetia papyrifera	289	290	Comprimento completo
AAZ14831.1	Jatropha curcas	291	292	Comprimento completo
AAC49770.1	Arabidopsis thaliana	293	294	Comprimento completo
NP_001063013.1	Oryza sativa	295	296	Comprimento completo

NP_001061779.1	Oryza sativa	297	298	Comprimento completo
AAO13360.1	Lycopersicon esculentum	299	300	Comprimento completo
AAM80486.1	Zea mays	301	302	Comprimento completo
AAP56252.1	Oryza sativa	303	304	Comprimento completo
AAF76898.1	Atriplex hortensis	305	306	Comprimento completo
NP_173638.1	Arabidopsis thaliana	307	308	Comprimento completo
NP_179810.1	Arabidopsis thaliana	309	310	Comprimento completo
AAZ03388.1	Glycine max	311	312	Comprimento completo
NP_564468.1	Arabidopsis thaliana	313	314	Comprimento completo
NP_179685.1	Arabidopsis thaliana	315	316	Comprimento completo
NP_193098.1	Arabidopsis thaliana	317	318	Comprimento completo
BAD25342.1	Oryza sativa	319	320	Comprimento completo
NP_001053379.1	Oryza sativa	321	322	Comprimento completo
CAD41199.2	Oryza sativa	323	324	Comprimento completo
NP_176620.1	Arabidopsis thaliana	325	326	Comprimento completo
11978.m07152	Oryza sativa	327	328	Comprimento completo
11975.m09040	Oryza sativa	329	330	Comprimento completo

Exemplo 19: Alinhamento de seqüências de polipeptídeos tipo AP2-70

Alinhamento de seqüências de polipeptídeos foi realizado usando o programa AlignX do Vector NTI (Invitrogen) que é baseado no algoritmo popular Clustal de alinhamento progressivo (Thompson *et al.* (1997) Nucleic Acids Res 25:4876-4882; Chenna *et al.* (2003). Nucleic Acids Res 31:3497-3500). Valores padrão são para a penalidade de abertura de lacuna de 10, para a penalidade de extensão de lacuna de 0,1 e a matriz de peso selecionada é Blosum 62 (se polipeptídeos estão alinhados).

Uma árvore filogenética de polipeptídeos tipo AP2-70 foi construída usando um algoritmo de agrupamento de vizinhos como fornecido no programa AlignX do Vector NTI (Invitrogen).

Exemplo 20: Clonagem e construção de vetor

A menos que de outra forma determinado, técnicas de DNA recombinante são realizadas de acordo com protocolos padrão descritos em (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) ou em Volumes 1 e 2 de Ausubel et al. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Materiais e métodos padrão para trabalho molecular com planta são descritos em Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (UK) e Blackwell Scientific Publications (UK).

O gene AP2-70 de *Oryza sativa* foi amplificado por PCR a partir de uma biblioteca de cDNA de arroz. O fragmento de PCR do comprimento esperado foi purificado e subseqüentemente clonado em um vetor Gateway® usando tecnologia padrão. O clone de entrada compreendendo SEQ ID NO: 257 foi então usado em uma reação LR com um vetor de destinação usado para transformação de *Oryza sativa*. Este vetor conteve como elementos funcionais dentro dos limites de T-DNA: um marcador selecionável vegetal; um cassete de expressão de marcador rastreável; e um cassete Gateway pretendido para recombinação LR *in vivo* com a seqüência de ácidos nucleicos de interesse já clonada no clone de entrada. Um promotor GOS2 de arroz (SEQ ID NO: 39) para expressão constitutiva foi localizado antes deste cassete Gateway.

Depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão resultante pGOS2::AP2-70 (Figura 25) foi transformado em *Agrobacterium* linhagem LBA4044 de acordo com métodos bem conhecidos na arte.

Um segundo vetor idêntico ao acima exceto compreendendo um promotor RCc3 (SEQ ID NO: 110) para expressão raiz específica também foi feito. De novo, depois da etapa de recombinação LR, o vetor de expressão resultante pRCc3::AP2-70 (Figura 24) foi transformado em *Agrobacterium* linhagem LBA4044 de acordo com métodos bem conhecidos na arte.

Exemplo-21: Transformação vegetal

Transformação de arroz

A *Agrobacterium* contendo o vetor de expressão foi usada para transformar plantas de *Oryza sativa*. Sementes maduras secas da cultivar japonesa de arroz Nipponbare foram descascadas. Esterilização foi realizada incubando por um minuto em etanol a 70%, seguido por 30 minutos em 0,2% de $HgCl_2$, seguido por uma lavagem de 15 minutos por 6 vezes com água destilada estéril. As sementes estéreis foram então germinadas em um meio contendo 2,4-D (meio de indução de calo). Depois de incubação no escuro por quatro semanas, calos embriogênicos derivados de escutelo foram excisados e propagados no mesmo meio. Depois de duas semanas, os calos foram multiplicados ou propagados por subcultura no mesmo meio por outras 2 semanas. Pedaços de calo embriogênico foram subcultivados em meio fresco 3 dias antes de co-cultivo (para estimular atividade de divisão celular).

Linhagem LBA4404 de *Agrobacterium* contendo o vetor de expressão foi usada para co-cultivo. *Agrobacterium* foi inoculada em meio AB com os antibióticos apropriados e cultivada por 3 dias a 28°C. As bactérias foram então coletadas e suspensas em meio de co-cultivo líquido para uma densidade (OD_{600}) de cerca de 1. A suspensão foi então transferida para uma placa de Petri e os calos imersos na suspensão por 15 minutos. Os tecidos de calos foram então secados em um papel filtro e transferidos para um meio de co-cultivo solidificado e incubados por 3 dias no escuro a 25°C. 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 calos resistentes que crescem rapidamente se desenvolveram. Depois de transferência deste material para um meio de regeneração e incubação na luz, o potencial embriogênico foi liberado e partes aéreas se desenvolveram nas próximas quatro a cinco semanas. Partes aéreas foram excisadas dos calos e incubadas por 2 a 3 semanas em um meio contendo auxina a partir do qual

elas foram transferidas para o solo. Partes aéreas endurecidas foram cultivadas em alta umidade e dias curtos em uma casa de vegetação.

Aproximadamente 35 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados para uma construção. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação. Depois de uma análise de PCR quantitativo para verificar número de cópias do inserto de T-DNA, apenas plantas transgênicas de cópia única que exibem tolerância ao agente de seleção foram mantidas para colheita de semente T1. Sementes foram então coletadas três a cinco meses depois de transplante. O método produziu transformantes de locus único em uma taxa de até 50% (Aldemita and Hodges1996, Chan *et al.* 1993, Hiei *et al.* 1994).

Transformação de milho

Transformação de milho (*Zea mays*) é realizada com uma modificação do método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Transformação é dependente de genótipo em milho e apenas genótipos específicos são receptivos para transformação e regeneração. A linhagem natural A188 (University of Minnesota) ou híbridos com A188 como um ancestral são boas fontes de material doador para transformação, mas outros genótipos também podem ser usados com sucesso. Espigas são coletadas a partir de planta de milho aproximadamente 11 dias depois de polinização (DAP) quando o comprimento do embrião imaturo é de cerca de 1 a 1,2 mm. Embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e plantas transgênicas são recuperadas através de organogênese. Embriões excisados são cultivados em meio de indução de calo, então 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 2-3 semanas, ou até que partes aéreas se desenvolvam. As partes aéreas

verdes são transferidas de cada embrião para meio de enraizamento de milho e incubadas a 25°C por 2-3 semanas, até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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

Transformação de trigo é realizada com o método descrito por Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. A cultivar Bobwhite (disponível a partir de CIMMYT, México) é comumente usada em transformação. Embriões imaturos são co-cultivados com *Agrobacterium tumefaciens* contendo o vetor de expressão, e plantas transgênicas são recuperadas através de organogênese. Depois de incubação com *Agrobacterium*, os embriões são cultivados *in vitro* em meio de indução de calo, então 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 2-3 semanas, ou até que partes aéreas se desenvolvam. As partes aéreas verdes são transferidas de cada embrião para meio de enraizamento e incubadas a 25°C por 2-3 semanas, até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 soja

Soja é transformada de acordo com uma modificação do método descrito na Patente Norte-Americana de Texas A&M 5.164.310. Diversas variedades comerciais de soja são receptivas para transformação por este método. A cultivar Jack (disponível a partir da Illinois Seed foundation) é comumente usada para transformação. Sementes de soja são esterilizadas para semeadura *in vitro*. O hipocótilo, a radícula e um cotilédone são excisados a

partir de plântulas jovens de sete dias de idade. O epicótilo e o cotilédone remanescente são adicionalmente cultivados para desenvolver nós axilares. Estes nós 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. Partes aéreas regeneradas são excisadas e colocadas em um meio de prolongamento de parte aérea. Partes aéreas de não mais do que 1 cm são colocadas em meio de enraizamento até que raízes se desenvolvam. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 colza/canola

Pecíolos cotiledonares e hipocótilos de plântulas jovens de 5-6 dias de idade são usados como explantes para cultura de tecido e transformados de acordo com Babic et al. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). A cultivar comercial Westar (Agriculture Canada) é a variedade padrão usada para transformação, mas outras variedades também podem ser usadas. Sementes de canola são superfície-esterilizadas para semeadura *in vitro*. Os explantes de pecíolo de cotilédone com o cotilédone acoplado são excisados das plântulas *in vitro*, e inoculados com *Agrobacterium* (contendo o vetor de expressão) banhando a extremidade de corte do explante de pecíolo na suspensão bacteriana. Os explantes são então 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 h de luz. Depois de dois dias de co-cultivo com *Agrobacterium*, os explantes de pecíolo são transferidos para meio MSBAP-3 contendo 3 mg/l de BAP, cefotaxima, carbenicilina, ou timentina (300 mg/l) por 7 dias, e então cultivados em meio MSBAP-3 com cefotaxima, carbenicilina, ou timentina e agente de seleção até regeneração de parte aérea. Quando as partes aéreas estão com 5 – 10 mm de comprimento, elas são cortadas e transferidas para

meio de alongamento de parte aérea (MSBAP-0.5, contendo 0,5 mg/l de BAP). Partes aéreas de cerca de 2 cm de comprimento são transferidas para o meio de enraizamento (MS0) para indução de raiz. As partes aéreas com raiz são transplantadas para solo na casa de vegetação. 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 alfafa

Um clone regenerante de alfafa (*Medicago sativa*) é transformado usando o método de (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839–847). Regeneração e transformação de alfafa é dependente de genótipo e portanto uma planta regenerante é requerida. Métodos para obter plantas regenerantes foram descritos. Por exemplo, estas podem ser selecionadas a partir da cultivar Rangelander (Agriculture Canada) ou qualquer outra variedade comercial de alfafa 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 uso em cultura de tecido (Walker et al., 1978 Am J Bot 65:654-659). Explantes de pecíolo são co-cultivados com uma cultura noturna 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 d no escuro em meio de indução SH contendo 288 mg/ L de Pro, 53 mg/ L de tioprolina, 4,35 g/ L de K2SO4, e 100 μm de acetoseringona. Os explantes são lavados em meio Murashige-Skoog com meia força (Murashige and Skoog, 1962) e colocados no mesmo meio de indução SH sem acetoseringona mas com um agente de seleção adequado e antibiótico adequado para inibir crescimento de *Agrobacterium*. Depois de diversas semanas, embriões somáticos são transferidos para meio de desenvolvimento BOi2Y não contendo nenhum regulador de crescimento, nenhum antibiótico, e 50 g/ L de sacarose. Embriões somáticos são subseqüentemente germinados em meio

Murashige-Skoog com meia força. Plântulas enraizadas foram transplantadas em potes e cultivadas em uma casa de vegetação. 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.

Exemplo 22: Procedimento de avaliação fenotípica

22.1 Configuração de avaliação

Aproximadamente 35 transformantes T0 de arroz independentes foram gerados. Os transformantes primários foram transferidos de uma câmara de cultura de tecido para uma casa de vegetação para cultivo e colheita de semente T1. Seis eventos, dos quais a progênie T1 segregou 3:1 para presença/ausência do transgene, foram retidos. Para cada um destes eventos, aproximadamente 10 plântulas T1 contendo o transgene (hetero e homozigotas) e aproximadamente 10 plântulas T1 carecendo do transgene (nulizigotos) foram selecionadas monitorando expressão de marcador visual. As plantas transgênicas e os nulizigotos correspondentes foram cultivados lado a lado em posições aleatórias. Condições de casa de vegetação foram de dias curtos (12 horas de luz), 28°C no claro e 22°C no escuro, e uma umidade relativa de 70%.

Quatro eventos T1 foram adicionalmente avaliados na geração T2 seguindo o mesmo procedimento de avaliação que para a geração T1 mas com mais indivíduos por evento. Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

22.2 Análise estatística: teste F

Uma ANOVA de dois fatores (análises de variância) foi usada como um modelo estatístico para a avaliação geral de características fenotípicas vegetais. Um teste F foi realizado em todos os parâmetros

medidos de todas as plantas de todos os eventos transformadas com o gene da presente invenção. O teste F foi realizado para verificar por um efeito do gene sobre todos os eventos de transformação e para verificar por um efeito geral do gene, também conhecido como um efeito gênico global. O limiar para significância para um verdadeiro efeito gênico global foi ajustado em um nível de probabilidade de 5% para o teste F. Um valor significante de teste F aponta para um efeito gênico, significando que não é apenas a mera presença ou a posição do gene que está causando as diferenças em fenótipo.

22.3 Parâmetros medidos

Medida de parâmetro de biomassa

Do estágio de semeadura até o estágio de maturidade as plantas foram passadas diversas vezes através de um gabinete de imagem digital. Em cada momento imagens digitais (2048x1536 pixéis, 16 milhões de cores) foram tiradas de cada planta de pelo menos 6 ângulos diferentes.

A área acima do solo de planta (ou biomassa de folhas) foi determinada contando o número total de pixéis nas imagens digitais de partes aéreas vegetais discriminadas do fundo. Foi tirada a média deste valor para as fotos tiradas no mesmo momento dos ângulos diferentes e foi convertido para um valor de superfície física expresso em mm quadrados por calibração. Experimentos mostram que a área acima do solo de planta medida desta maneira se correlaciona com a biomassa de partes aéreas de planta. A área acima do solo é a área medida no momento no qual a planta atingiu sua biomassa de folhas máxima. O vigor precoce é a área acima do solo de planta (plântula) três semanas após germinação. Aumento em biomassa de raiz é expresso como um aumento em biomassa total de raiz (medida como biomassa máxima de raízes observada durante o tempo de vida de uma planta); ou como um aumento no índice raiz/parte aérea (medido como a proporção entre biomassa de raiz e biomassa de parte aérea no período de crescimento ativo de raiz e parte aérea).

Medidas de parâmetro de semente

As panículas primárias maduras foram coletadas, contadas, ensacadas, etiquetadas com código de barras e então secas por três dias no forno a 37°C. As panículas foram então trilhadas e todas as sementes foram coletadas e contadas. As cascas cheias foram separadas daquelas vazias usando um dispositivo que sopra ar. As cascas cheias foram descartadas e a fração remanescente foi contada de novo. As cascas cheias foram pesadas em uma balança analítica. O número de grãos cheios foi determinado contando o número de cascas cheias que permaneceram depois da etapa de separação. O rendimento total de sementes foi medida pesando todas as cascas cheias coletadas de uma planta. Número total de sementes por planta foi medido contando o número de cascas coletadas de uma planta. Peso de mil sementes (TKW) é extrapolado a partir do número de grãos cheios contados e seu peso total. O Índice de Colheita (HI) na presente invenção é definido como a proporção entre o rendimento total de sementes e a área acima do solo (mm^2), multiplicada por um fator 10^6. O número total de flores por panícula como definido na presente invenção é a proporção entre o número total de sementes e o número de panículas primárias maduras. A taxa de enchimento de grãos como definida na presente invenção é a proporção (expressa como uma%) do número de grãos cheios pelo número total de sementes (ou floretes).

Exemplo 23: Resultados da avaliação fenotípica das plantas transgênicas

Os resultados da avaliação de plantas transgênicas de arroz expressando um ácido nucleico AP2-70 são apresentados abaixo. A diferença percentual entre os transgênicos e os nulizigotos correspondentes também é mostrada.

Tabela 19a: R resultados de expressão de pGOS2::AP2-70

Característica	Eventos positivos	Diferença média
Índice Raiz Parte Aérea	3 eventos	21,3%
		geral + 14%
Rendimento total de sementes	2 eventos	27%
Taxa de enchimento	3 eventos	27%
TKW	4 eventos	8,75%
		geral + 6%
Índice de Colheita	4 eventos	30,5%
		geral + 16%
Espessura de raiz	2 eventos	10,5%
Altura	2 eventos	8%
		geral + 4%

Tabela 19b resultados de expressão de pRCc3::AP2-70

Característica	Eventos positivos	Diferença média
Área max	2 eventos	16,5%
		Geral + 7%
Rendimento total de sementes	2 eventos	233%
		Geral + 89%
Número de grãos cheios	2 eventos	184,5%
		Geral + 68%
Taxa de enchimento	2 eventos	206%
		Geral + 87%
Índice de Colheita	2 eventos	238,5%
		Geral + 86%
TKW	3 eventos	11,3%
		Geral + 7%
Altura	2 eventos	12,5%
		Geral + 7%

REIVINDICAÇÕES

1. Método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas, compreendendo modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, caracterizado pelo fato de que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2, ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

2. Método de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que dito fator de transcrição NAC compreende qualquer um ou mais dos seguintes motivos:

Motivo I: KIDLDIIQELD, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo I;

Motivo II: CKYGXGHGGDEQTEW, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo II, onde 'X' é adotado como sendo qualquer aminoácido ou uma lacuna;

Motivo III: GWVVCRAFQKP, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo III.

3. Método de acordo com a reivindicação 1 ou 2, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 3 ou uma porção deste ou uma seqüência capaz de hibridizar com qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 3.

4. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 3, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada por

qualquer um ou mais de identificação por ativação de T-DNA, TILLING, ou recombinação homóloga.

5. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 3, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada introduzindo e expressando em uma planta um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, em que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

6. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 5, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é área acima do solo aumentada.

7. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 6, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é rendimento de sementes aumentado.

8. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 5 a 7, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor de tecido verde específico, preferivelmente a um promotor de protoclorofilida redutase.

9. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 5 a 7, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor GOS2.

10. Método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas, caracterizado pelo fato de compreender modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, e que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo

de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

11. Método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas cultivadas em condições de estresse abiótico, caracterizado pelo fato de compreender modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, e que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 53 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

12. Método de acordo com a reivindicação 10, caracterizado pelo fato de que dito fator de transcrição NAC compreende qualquer um ou mais dos seguintes motivos:

Motivo IV: PVPIIA, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo IV;

Motivo V: NGSRPN, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo V;

Motivo VI: CRLYNKK, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo VI;

Motivo VII: NEWEKMQ, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo VII;

Motivo VIII: WGETRTPESE, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% identidade

de seqüência com a seqüência de Motivo VIII;

Motivo IX: VPKKESMDDA, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo IX;

Motivo X: SYDDIQGMYS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo X; e

Motivo XI: DSMPRLHADSSCSE, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 60%, 70%, 80% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de Motivo XI.

13. Método de acordo com a reivindicação 10 ou 12, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 4 ou uma porção deste ou uma seqüência capaz de hibridizar com qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 4.

14. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 10 a 13, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada por qualquer um ou mais de identificação por ativação de T-DNA, TILLING, ou recombinação homóloga.

15. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 10 a 13, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada introduzindo e expressando em uma planta um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, e que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

16. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações

10 a 15, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é área acima do solo aumentada.

17. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 10 a 16, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é rendimento de sementes aumentado.

18. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 10 a 17, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é vigor precoce aumentado.

19. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 15 a 18, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor específico de raiz, preferivelmente a um promotor RCc3.

20. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 15 a 18, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor GOS2.

21. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 20, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta monocotiledônea, ainda preferivelmente da família Poaceae, mais preferivelmente do gênero *Oryza*, mais preferivelmente de *Oryza sativa*.

22. Planta ou parte da mesma incluindo sementes, caracterizada pelo fato de ser obtenível por um método como definido em qualquer uma das reivindicações 1 a 21, em que dita planta ou parte da mesma compreende um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC.

23. Construção, caracterizada pelo fato de compreender:

(a) Ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, em que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela

apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC;

(b) Uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(c) Uma seqüência de terminação de transcrição.

24. Construção de acordo com a reivindicação 23, caracterizada pelo fato de que dita uma ou mais seqüências de controle é pelo menos um promotor de tecido verde específico, preferivelmente um promotor de protoclorofilida redutase.

25. Construção, caracterizada pelo fato de compreender:

(a) Ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, e que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC;

(b) Uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(c) Uma seqüência de terminação de transcrição.

26. Construção de acordo com a reivindicação 25, caracterizada pelo fato de que dita uma ou mais seqüências de controle é pelo menos um promotor específico de raiz, preferivelmente um promotor RCc3.

27. Construção de acordo com a reivindicação 23 ou 25, caracterizada pelo fato de que dita uma ou mais seqüências de controle é pelo menos um promotor constitutivo, preferivelmente um promotor GOS2.

28. Uso de uma construção como definida em qualquer uma das reivindicações 23 a 27, caracterizado pelo fato de ser para fazer plantas

tendo características relacionadas a rendimento intensificadas, particularmente rendimento de sementes aumentado e/ou área acima do solo aumentada, em relação a plantas de controle.

29. Planta, parte de planta ou célula vegetal, caracterizada pelo fato de ser transformada com uma construção como definida em qualquer uma das reivindicações 23 a 27.

30. Método para a produção de uma planta transgênica tendo características relacionadas a rendimento intensificadas em relação a plantas de controle, caracterizado pelo fato de que compreende:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, e que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC; e

(ii) cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

31. Planta transgênica, caracterizada pelo fato de ter rendimento aumentado em relação a plantas de controle adequadas, dito rendimento aumentado resultando de expressão aumentada de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, em que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

32. Planta transgênica de acordo com a reivindicação 22, 29 ou 31, caracterizada pelo fato de que dita planta é uma planta cultivável ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, milheto, centeio, sorgo e aveia.

33. Partes colhíveis de uma planta como definida em qualquer uma das reivindicações 22, 29, 31 ou 32, caracterizadas pelo fato de que ditas partes colhíveis são preferivelmente sementes.

34. Produtos, caracterizados pelo fato de serem derivados de uma planta como definida na reivindicação 32 e/ou de partes colhíveis de uma planta como definidas na reivindicação 33.

35. Uso de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC, caracterizado pelo fato de ser em intensificação de características relacionadas ao rendimento em plantas, em que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos e representada por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

36. Uso de um ácido nucleico codificando um fator de transcrição NAC4, caracterizado pelo fato de ser em intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas desenvolvidas em condições de estresse abiótico, em que a seqüência de aminoácidos de dito fator de transcrição NAC, quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tal como aquela apresentada em Fig. 1, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 53 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC.

37. Uso de acordo com a reivindicação 35 ou 36, caracterizado

pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é rendimento de sementes aumentado e/ou área acima do solo aumentada e/ou vigor precoce em relação a plantas de controle.

38. Método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas em relação a plantas de controle, caracterizado pelo fato de compreender modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2, cujo polipeptídeo AP2-2 compreende motivo XII (SEQ ID NO: 133) e preferivelmente também um ou mais de: motivo XIII (SEQ ID NO: 134), motivo XIV (SEQ ID NO: 135), motivo XV (SEQ ID NO: 136), motivo XVI (SEQ ID NO: 137), e motivo XVII (SEQ ID NO: 138).

39. Método de acordo com a reivindicação 38, caracterizado pelo fato de que dito polipeptídeo AP2-2 tem, em ordem crescente de preferência, pelo menos 20, 25, 30, 35, 40, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com o polipeptídeo AP2-2 representado por SEQ ID NO: 132.

40. Método de acordo com a reivindicação 38 ou 39, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 é representado por qualquer um das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14 ou uma porção deste, ou uma seqüência capaz de hibridizar com qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 14.

41. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 38 a 40, caracterizado pelo fato de que dita seqüência de ácidos nucleicos codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer das SEQ ID NOs dadas na Tabela 14.

42. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 38 a 41, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada introduzindo e expressando em uma planta um ácido nucleico codificando um

polipeptídeo AP2-2.

43. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 38 a 42, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é rendimento aumentado, preferivelmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle.

44. Método de acordo com a reivindicação 42 ou 43, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor GOS2.

45. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 38 a 44, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta dicotiledônea, ainda preferivelmente da família Poaceae, mais preferivelmente do gênero *Oryza,* mais preferivelmente de *Oryza sativa.*

46. Planta ou parte da mesma, incluindo sementes, caracterizada pelo fato de ser obtenível por um método como definido em qualquer uma das reivindicações 38 a 45, em que dita planta ou parte da mesma compreende um ácido nucleico recombinante codificando um polipeptídeo AP2-2.

47. Construção, caracterizada pelo fato de compreender:

(a) ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido em qualquer uma das reivindicações 38 até 41;

(b) uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(c) uma seqüência de terminação de transcrição.

48. Construção de acordo com a reivindicação 47, caracterizada pelo fato de que dita uma ou mais seqüências de controle é um promotor constitutivo, preferivelmente um promotor GOS2.

49. Uso de uma construção como definida em reivindicações 47 ou 48, caracterizado pelo fato de ser em um método para fazer plantas

tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle.

50. Planta, parte de planta ou célula vegetal, caracterizada pelo fato de ser transformada com uma construção como definida na reivindicação 47 ou 48.

51. Método para a produção de uma planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle, caracterizado pelo fato de compreender:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido em qualquer uma das reivindicações 38 a 41; e

(ii) cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

52. Planta transgênica, caracterizada pelo fato de ter rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado, em relação a plantas de controle, resultante de expressão aumentada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido em qualquer uma das reivindicações 38 a 41, ou uma célula vegetal transgênica derivada de dita planta transgênica.

53. Planta transgênica de acordo com a reivindicação 46, 50 ou 52, caracterizada pelo fato de que dita planta é uma planta cultivável ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, milheto, centeio, sorgo e aveia, ou uma célula vegetal transgênica derivada de dita planta transgênica.

54. Partes colhíveis de uma planta como definida na reivindicação 53, caracterizadas pelo fato de que ditas partes colhíveis são preferivelmente sementes.

55. Produtos, caracterizados pelo fato de serem derivados de uma planta como definida na reivindicação 53 e/ou de partes colhíveis de uma

planta como definidas na reivindicação 54.

56. Uso de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2 como definido em qualquer uma das reivindicações 38 a 41, caracterizado pelo fato de ser para aumentar rendimento, particularmente para aumentar rendimento de sementes, em plantas em relação a plantas de controle.

57. Método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas em relação a plantas de controle, caracterizado pelo fato de compreender (i) modular expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo APETELA2-70 (tipo AP2-70) compreendendo:

(i) Um domínio de ligação de DNA AP2 como representado por SEQ ID NO: 332: YRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDT AEEAALAYDSAAFRLRGESARLNF, ou um domínio tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com o domínio representado por SEQ ID NO: 332; e

(ii) Ter em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de polipeptídeos de *Oryza sativa* representada por SEQ ID NO: 258; e

(iii) Compreender Motivo I representado por SEQ ID NO: 333: RLPXNX^{1}RXRXWLGT F/Y D/E T/S, onde X é qualquer aminoácido e X^1 é zero, um ou mais, e até 30, lacunas; e

(iv) Compreender Motivo XIX representado por SEQ ID NO: 334: RG D/E.

58. Método de acordo com a reivindicação 57, caracterizado pelo fato de que dito polipeptídeo tipo AP2-70 compreende adicionalmente um ou mais dos seguintes motivos:

(i) SEQ ID NO: 335/Motivo XX: WDESESFLLHKYPSLEIDWDAILS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XX; e/ou

(ii) SEQ ID NO: 336/Motivo XXI: GPPLHAAVDAKLHAICH, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXI; e/ou

(iii) SEQ ID NO: 337/Motivo XXII: GANYLTPAQVLHVQAQLQRLRRP, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXII; e/ou

(iv) SEQ ID NO: 338/Motivo XXIII: VDSKELMGALAPSMVSFSYPCSEQSASS, ou um motivo tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% ou mais identidade de seqüência com Motivo XXIII.

59. Método de acordo com a reivindicação 57 ou 58, caracterizado pelo fato de que dita expressão modulada é efetuada introduzindo e expressando em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

60. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 57 a 59, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é representado por qualquer um das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18 ou uma porção deste, ou uma seqüência capaz de hibridizar com qualquer uma das SEQ ID NOs de ácidos nucleicos dadas na Tabela 18.

61. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 57 a 60, caracterizado pelo fato de que dita seqüência de ácidos nucleicos codifica um ortólogo ou parálogo de qualquer das SEQ ID NOs dadas na

Tabela 18.

62. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 57 a 61, caracterizado pelo fato de que dita característica relacionada a rendimento intensificada é rendimento aumentado, preferivelmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle.

63. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 59 a 62, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor constitutivo, preferivelmente a um promotor GOS2, mais preferivelmente a um promotor GOS2 de arroz.

64. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 59 a 52, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico é operacionalmente ligado a um promotor específico de raiz, preferivelmente a um promotor RCc3, mais preferivelmente a um promotor RCc3 de arroz.

65. Método de acordo com qualquer uma das reivindicações 57 a 64, caracterizado pelo fato de que dito ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 é de origem vegetal, preferivelmente de uma planta monocotiledônea, ainda preferivelmente da família Poacae mais preferivelmente do gênero *Oryza,* mais preferivelmente de *Oryza sativa.*

66. Planta ou parte da mesma, incluindo sementes, caracterizada pelo fato de ser obtenível por um método como definido em qualquer uma das reivindicações 57 a 65, em que dita planta ou parte da mesma compreende um ácido nucleico recombinante codificando um polipeptídeo tipo AP2-70.

67. Molécula isolada de ácido nucleico, caracterizada pelo fato de compreender:

(a) um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(b) o complemento de um ácido nucleico representado por SEQ ID NO: 257;

(c) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-

70 tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP.

68. Polipeptídeo isolado, caracterizado pelo fato de compreender:

(a) uma seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258;

(b) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 258, e tendo em ordem crescente de preferência pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com SEQ ID NO: 331: PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP;

(c) derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

69. Construção, caracterizada pelo fato de compreender:

(a) ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido em reivindicação 57, 58 ou 67; uma ou mais seqüências de controle capazes de dirigir expressão da seqüência de ácidos nucleicos de (a); e opcionalmente

(b) uma seqüência de terminação de transcrição.

70. Construção de acordo com a reivindicação 69, caracterizada pelo fato de que dita uma ou mais seqüências de controle é selecionada a partir de:

(i) um promotor constitutivo, preferivelmente um promotor GOS2, mais preferivelmente um promotor GOS2 de arroz; ou

(ii) um promotor específico de raiz, preferivelmente um promotor RCc3, mais preferivelmente um promotor RCc3 de arroz.

71. Uso de uma construção como definida na reivindicação 69 ou 70, caracterizado pelo fato de ser em um método para fazer plantas tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle.

72. Planta, parte de planta ou célula vegetal, caracterizada pelo fato de ser transformada com uma construção como definida nas reivindicações 69 ou 70.

73. Método para a produção de uma planta transgênica tendo rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado em relação a plantas de controle, caracterizado pelo fato de compreender:

(i) introduzir e expressar em uma planta um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido em reivindicação 57, 58 ou 67; e

(ii) cultivar a célula vegetal em condições que promovem crescimento e desenvolvimento vegetal.

74. Planta transgênica, caracterizada pelo fato de ter rendimento aumentado, particularmente rendimento de sementes aumentado, em relação a plantas de controle, resultando de expressão aumentada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70 como definido em reivindicação 57, 58 ou 67 ou uma célula vegetal transgênica derivada de dita planta transgênica.

75. Planta transgênica de acordo com a reivindicação 66, 72 ou 74, caracterizada pelo fato de que dita planta é uma planta cultivável ou uma monocotiledônea ou um cereal, tal como arroz, milho, trigo, cevada, milheto, centeio, sorgo e aveia, ou uma célula vegetal transgênica derivada de dita

planta transgênica.

76. Partes colhíveis de uma planta como definida em reivindicação 75, caracterizadas pelo fato de que ditas partes colhíveis são preferivelmente sementes.

77. Produtos, caracterizados pelo fato de serem derivados de uma planta como definida em reivindicação 75 e/ou de partes colhíveis de uma planta como definida na reivindicação 76.

78. Uso de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70, caracterizado pelo fato de ser para aumentar rendimento, particularmente para aumentar rendimento de sementes, em plantas em relação a plantas de controle.

79. Molécula isolada de ácido nucleico, caracterizada pelo fato de compreender:

(i) um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 361, ou SEQ ID NO: 363;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 347, SEQ ID NO: 349, SEQ ID NO: 351, SEQ ID NO: 353, SEQ ID NO: 355, SEQ ID NO: 357, SEQ ID NO: 359, SEQ ID NO: 361, ou SEQ ID NO: 363;

(iii) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo NAC tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364.

80. Polipeptídeo isolado, caracterizado pelo fato de compreender:

(i) uma seqüência de aminoácidos representada por uma de

SEQ ID NO: SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364;

(ii) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 348, SEQ ID NO: 350, SEQ ID NO: 352, SEQ ID NO: 354, SEQ ID NO: 356, SEQ ID NO: 358, SEQ ID NO: 360, SEQ ID NO: 362, ou SEQ ID NO: 364;

(iii) derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

81. Molécula isolada de ácido nucleico, caracterizada pelo fato de compreender:

(i) um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 343, ou SEQ ID NO: 345;

(ii) o complemento de um ácido nucleico representado por uma de SEQ ID NO: 341, SEQ ID NO: 343, ou SEQ ID NO: 345;

(iii) um ácido nucleico codificando um polipeptídeo POI tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346.

82. Polipeptídeo isolado, caracterizado pelo fato de compreender:

(i) uma seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346;

(ii) uma seqüência de aminoácidos tendo, em ordem crescente de preferência, pelo menos 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais identidade de seqüência com a

seqüência de aminoácidos representada por uma de SEQ ID NO: 342, SEQ ID NO: 344, ou SEQ ID NO: 346;

(iii) derivados de qualquer das seqüências de aminoácidos dadas em (i) ou (ii) acima.

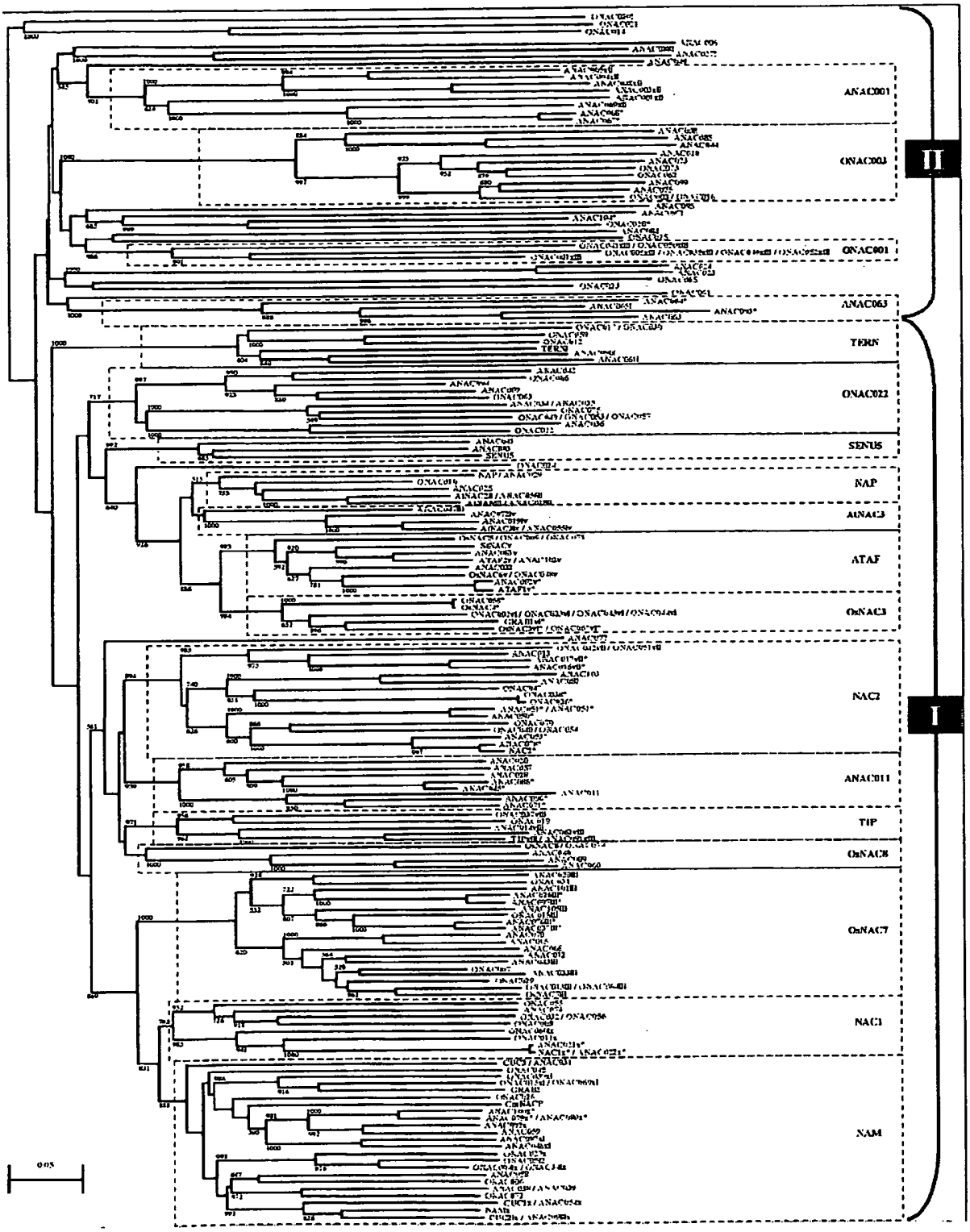

ANAC001
ONAC003
ONAC001
ANAC063
TERN
ONAC022
SENUS
NAP
AtNAC3
ATAF
OsNAC3
NAC2
ANAC011
TIP
OsNAC8
OsNAC7
NAC1
NAM
II
I
0.05

FIGURA 1

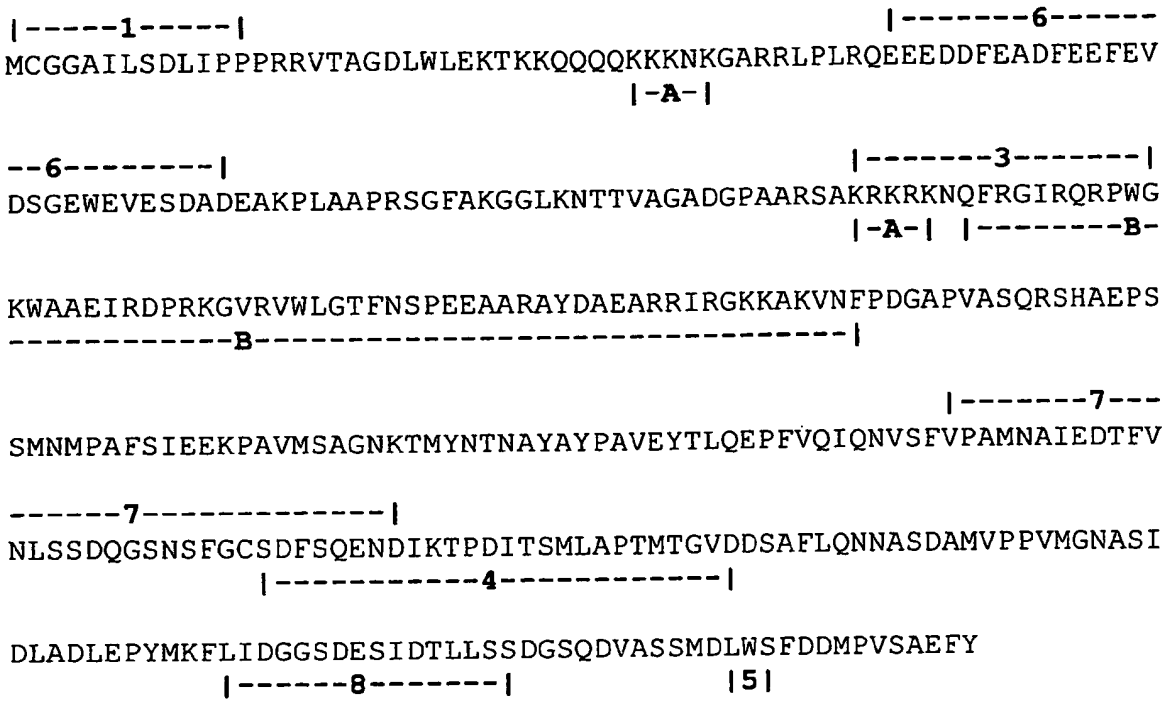

|-----1-----|
|-------6------
MCGGAILSDLIPPPRRVTAGDLWLEKTKKQQQQKKKNKGARRLPLRQEEEDDFEADFEEFEV
|-A-|
--6--------|
|-------3-------|
DSGEWEVESDADEAKPLAAPRSGFAKGGLKNTTVAGADGPAARSAKRKRKNQFRGIRQRPWG
|-A-| |--------B-
KWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNSPEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDGAPVASQRSHAEPS
----------B----------|
|-------7---
SMNMPAFSIEEKPAVMSAGNKTMYNTNAYAYPAVEYTLQEPFVQIQNVSFVPAMNAIEDTFV
------7----------|
NLSSDQGSNSFGCSDFSQENDIKTPDITSMLAPTMTGVDDSAFLQNNASDAMVPPVMGNASI
|----------4----------|
DLADLEPYMKFLIDGGSDESIDTLLSSDGSQDVASSMDLWSFDDMPVSAEFY
|------8-------|
|5|

FIGURA 2

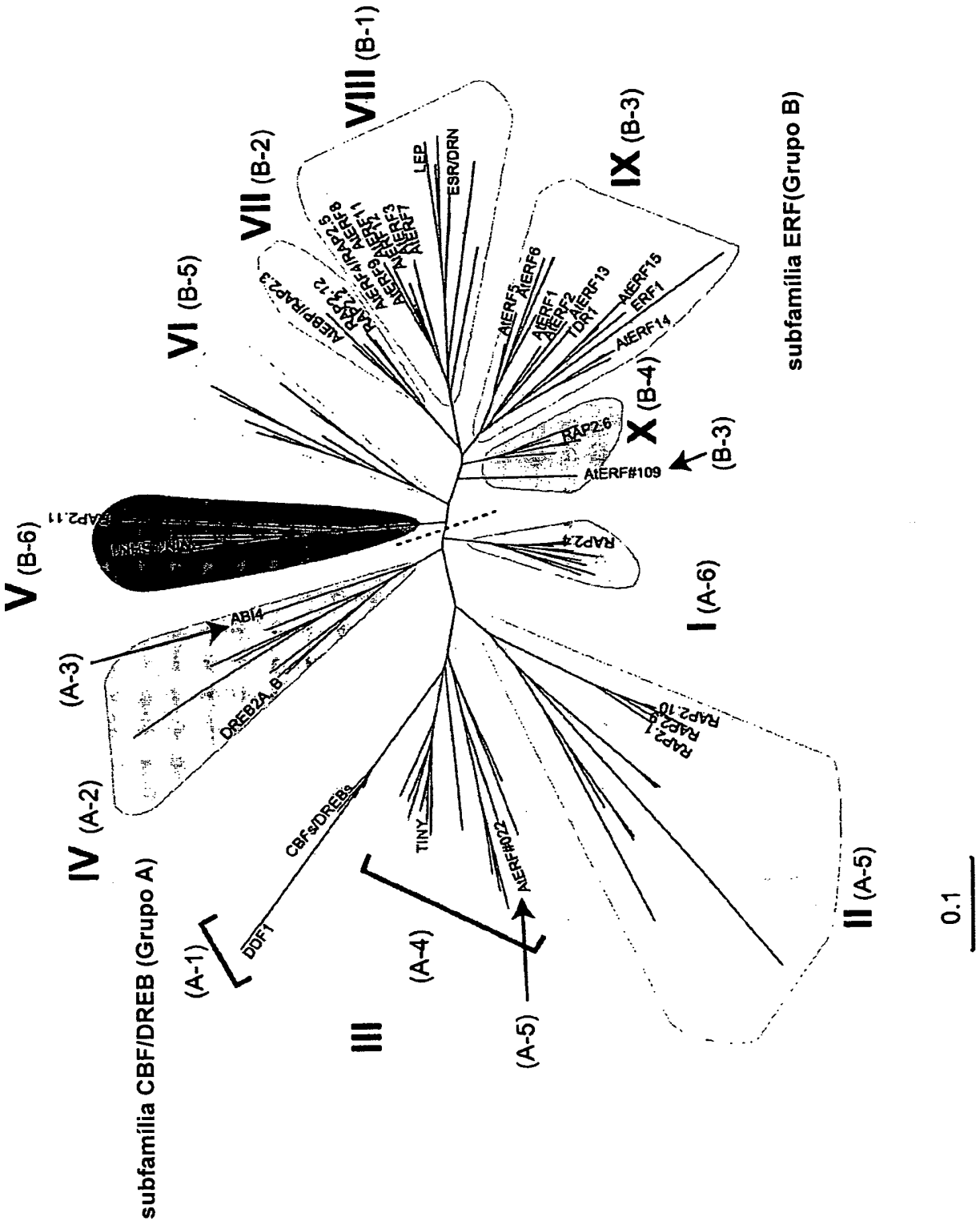

VIII (B-1)
VII (B-2)
VI (B-5)
IX (B-3)
X (B-4)
(B-3)
V (B-6)
IV (A-2)
(A-3)
III
(A-4)
(A-5)
(A-1)
I (A-6)
II (A-5)
subfamília CBF/DREB (Grupo A)
subfamília ERF(Grupo B)
ABI4
OREB2A_B
CBFs/DREBs
DDF1
TINY
AtERF#022
AtERF#109
RAP2.6
RAP2.4
RAP2.11
RAP2.10
RAP2.3
RAP2.12
RAP2.2
RAP2.1
AtERF4
AtERF11
AtERF2
AtERF3
AtERF7
LEP
ESR/DRN
AtERF5
AtERF6
AtERF1
AtERF2
TDR1
AtERF13
AtERF15
ERF1
AtERF14
0.1

FIGURA 3

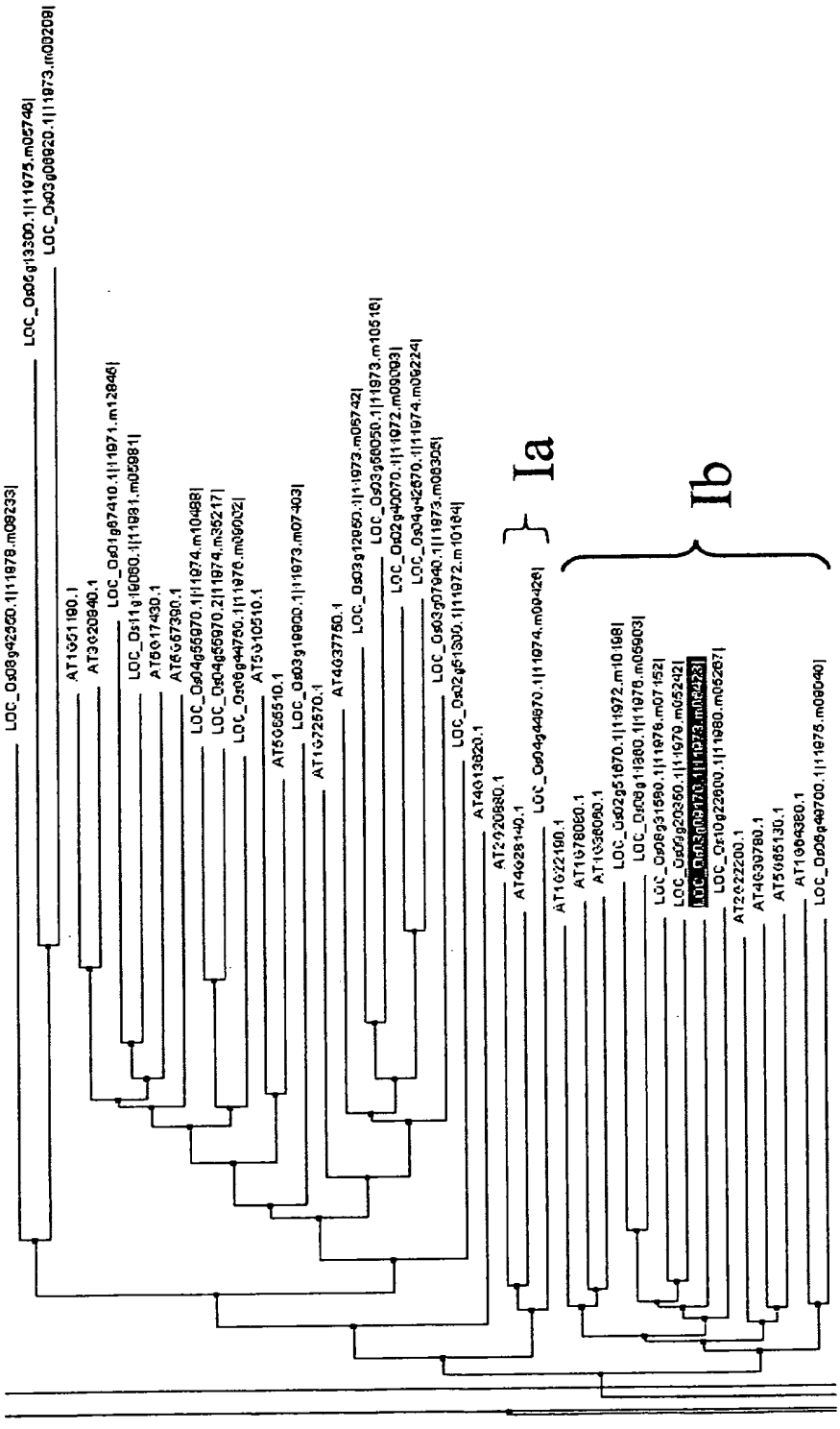


FIGURA 4

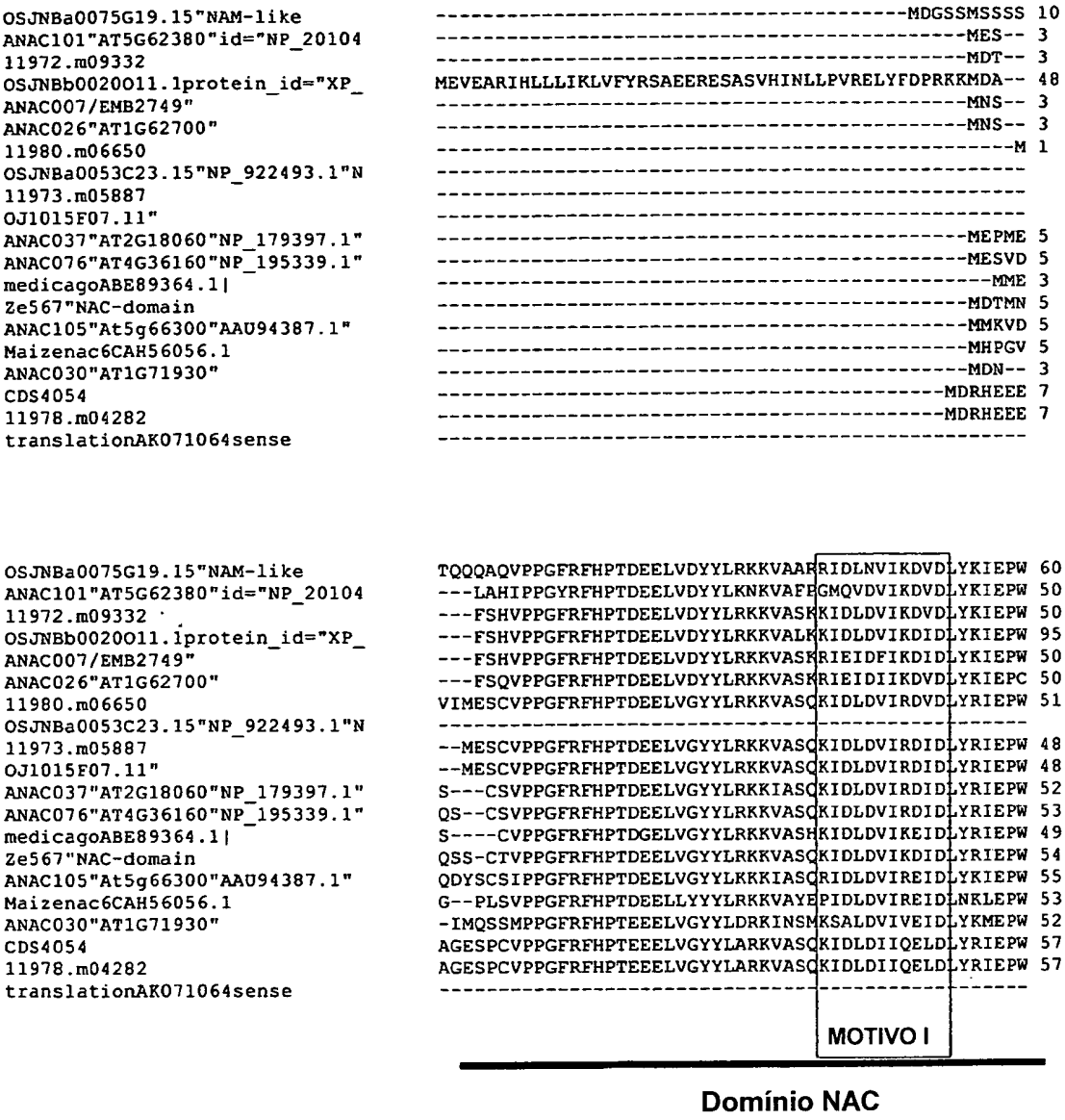

OSJNBa0075G19.15"NAM-like
ANAC101"AT5G62380"id="NP_20104
11972.m09332
OSJNBb0020O11.1protein_id="XP_
ANAC007/EMB2749"
ANAC026"AT1G62700"
11980.m06650
OSJNBa0053C23.15"NP_922493.1"N
11973.m05887
OJ1015F07.11"
ANAC037"AT2G18060"NP_179397.1"
ANAC076"AT4G36160"NP_195339.1"
medicagoABE89364.1|
Ze567"NAC-domain
ANAC105"At5g66300"AAU94387.1"
Maizenac6CAH56056.1
ANAC030"AT1G71930"
CDS4054
11978.m04282
translationAK071064sense
MOTIVO I
Domínio NAC

FIGURA 5

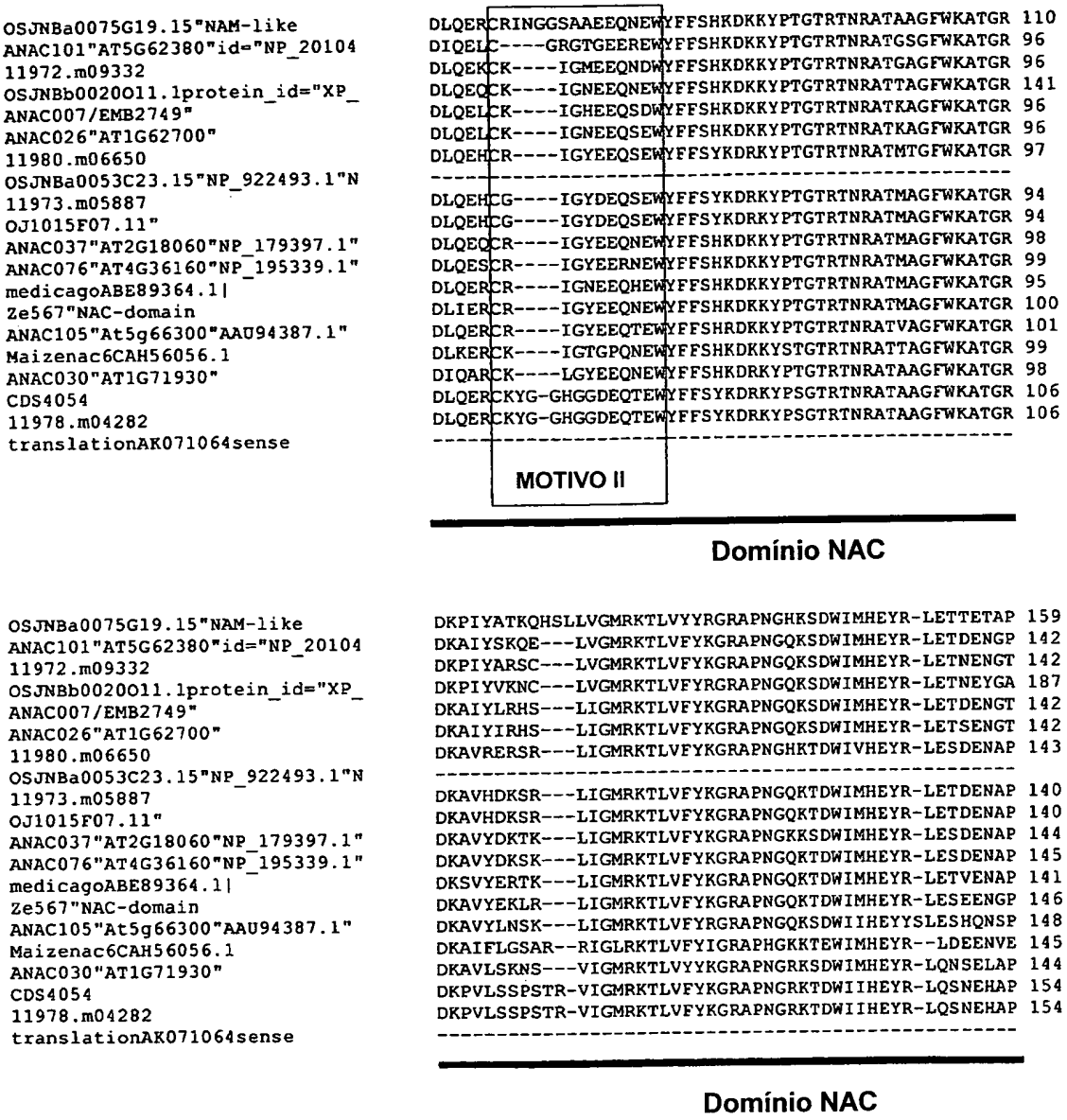


FIGURA 5 (Cont.)

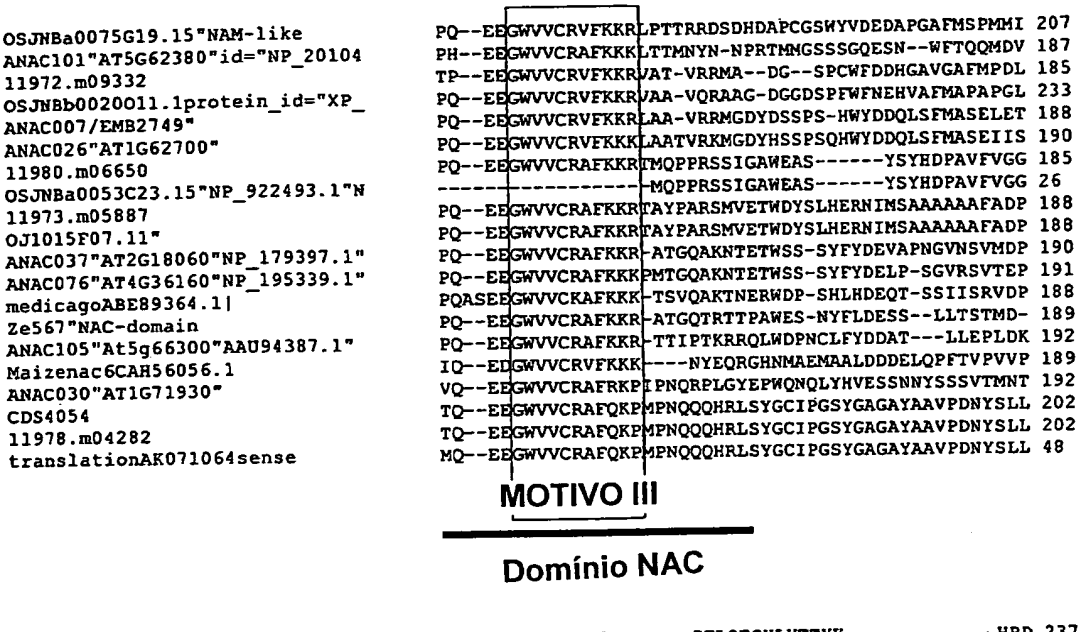


FIGURA 5 (cont.)

```
OSJNBa0075G19.15"NAM-like          LTTKIQ----------QLQVP-AAGHHLLNTMPHDLES------------ 264
ANAC101"AT5G62380"id="NP_20104     LSSLHQ----------NDQDPYGVVLSTINATPTTIMQ------------ 239
11972.m09332                       LEYHH-----------LLPQEAF-LQHLPQLESPKPPPPPPAAAAYIGG- 262
OSJNBb0020O11.1protein_id="XP_     VEYHHH----------LLPQEAAPFMHLPRLESPKLP-----AADII--- 281
ANAC007/EMB2749"                   LELHYNHLVQR---NHLLDESHLSFLQLPQLESPKIQQDNSNCNSLPYGT 278
ANAC026"AT1G62700"                 LELHYNQMVQHQQQNHHLRES--MFLQLPQLESP-----TSNCN------ 267
11980.m06650                       FLRYST-----------------RLAELPQLESP---------------- 225
OSJNBa0053C23.15"NP_922493.1"N     FLRYST-----------------RLAELPQLESP---------------- 66
11973.m05887                       LLHYSS-----------------HLAELPQLESPSAAA------------ 237
OJ1015F07.11"                      LLHYSS-----------------HLAELPQLESPSAAA------------ 237
ANAC037"AT2G18060"NP_179397.1"     -YIQSN-----------------QFIQLPQLQSPSLPL------------ 240
ANAC076"AT4G36160"NP_195339.1"     -FIHCD-----------------QFIQLPQLESPSLPL------------ 241
medicagoABE89364.1|                RFMHSE-----------------QLVPLPQLQSPS--L------------ 237
Ze567"NAC-domain                   -FIHCD-----------------QFIQLPHLESPSLQS------------ 238
ANAC105"At5g66300"AAU94387.1"      MYLQCID--------------DDQFSQLPQLESPSLPS------------ 247
Maizenac6CAH56056.1                LPQLMS-----------------ADQPVPTLFPSHPGV------------ 240
ANAC030"AT1G71930"                 MHQYGN-------------------IELPQLDSPSLSP------------ 242
CDS4054                            SKLHFS-------------------DMMPPLESPTIVDGEGYVSQASSCV 273
11978.m04282                       SKLHFS-------------------DMMPPLESPTIVDGEGYVSQASSCV 273
translationAK071064sense           SKLHFS-------------------DMMPPLESPTIVDGEGYVSQASSCV 119
```

```
OSJNBa0075G19.15"NAM-like          ----STSSFHSLLVSPDHHQINMHHAQADPFFDDMHAVDQA--------- 301
ANAC101"AT5G62380"id="NP_20104     ----RDD--GHVITNDDDHMIMMNTSTGDHHQSGLLVNDDHN-------D 276
11972.m09332                       ---HLGSSSSTALTTHDDEASGSAAQQQPPSLEAVYMAGAGVG--IGVDA 307
OSJNBb0020O11.1protein_id="XP_     ----VATAASSALQP----CGHTTAQQLQLQIEPVYVT---------ADA 314
ANAC007/EMB2749"                   SNIDNNSSHNANLQQS-NIAHEEQLNQGNQNFSSLYMNSGNE----QVMD 323
ANAC026"AT1G62700"                 SDNNNNTRNISNLQKSSNISHEEQLQQGNQSFSSLYYDQGVE----QMT- 312
11980.m06650                       --PLPSQGSQAASAVVDG--EEDNADSSRRPGGG----------GGAAAA 261
OSJNBa0053C23.15"NP_922493.1"N     --PLPSQGSQAASAVVDG--EEDNADSSRRPGGG----------GGAAAA 102
11973.m05887                       -APLQPNPSQLATAGEDDDCKGDNGGRRAKKARA----------AGDKVA 276
OJ1015F07.11"                      -APLQPNPSQLATAGEDDDCKGDNGGRRAKKARA----------AGDKVA 276
ANAC037"AT2G18060"NP_179397.1"     -MKRPSSSMSITSMDNNYN-YKLPLADEE-SFESFIR-GEDRRKKKKQVM 286
ANAC076"AT4G36160"NP_195339.1"     -TKRPVSLTSITSLEKNKNIYKRHLIEEDVSFNALISSGNKDKKKKKTSV 290
medicagoABE89364.1|                -TKRQNS----------------MPIISEK------------------- 250
Ze567"NAC-domain                   -IKRPISSILYEHDQQEDDQITKRITNNVRSKDE---------------- 271
ANAC105"At5g66300"AAU94387.1"      -EITPHSTTFSENSSRKDD-----MSSEK--------------------- 270
Maizenac6CAH56056.1                -ATAMSSSIDVECSQNLLTMLTSNGSDGMLHVRAGGAGAG-----VDRFA 284
ANAC030"AT1G71930"                 ------------SLGTNKDQNESFEQEEEKSFN----------------- 263
CDS4054                            DVDQQAGIVDWNLLTSLLPPPAHQLFHHLPSAS---SSKN---------- 310
11978.m04282                       DVDQQAGIVDWNLLTSLLPPPAHQLFHHLPSAS---SSKN---------- 310
translationAK071064sense           DVDQQAGIVDWNLLTSLLPPPAHQLFHHLPSASGVITSRVRGD--GAAAA 167
```

FIGURA 5 (Cont.)



FIGURA 5 (cont.)

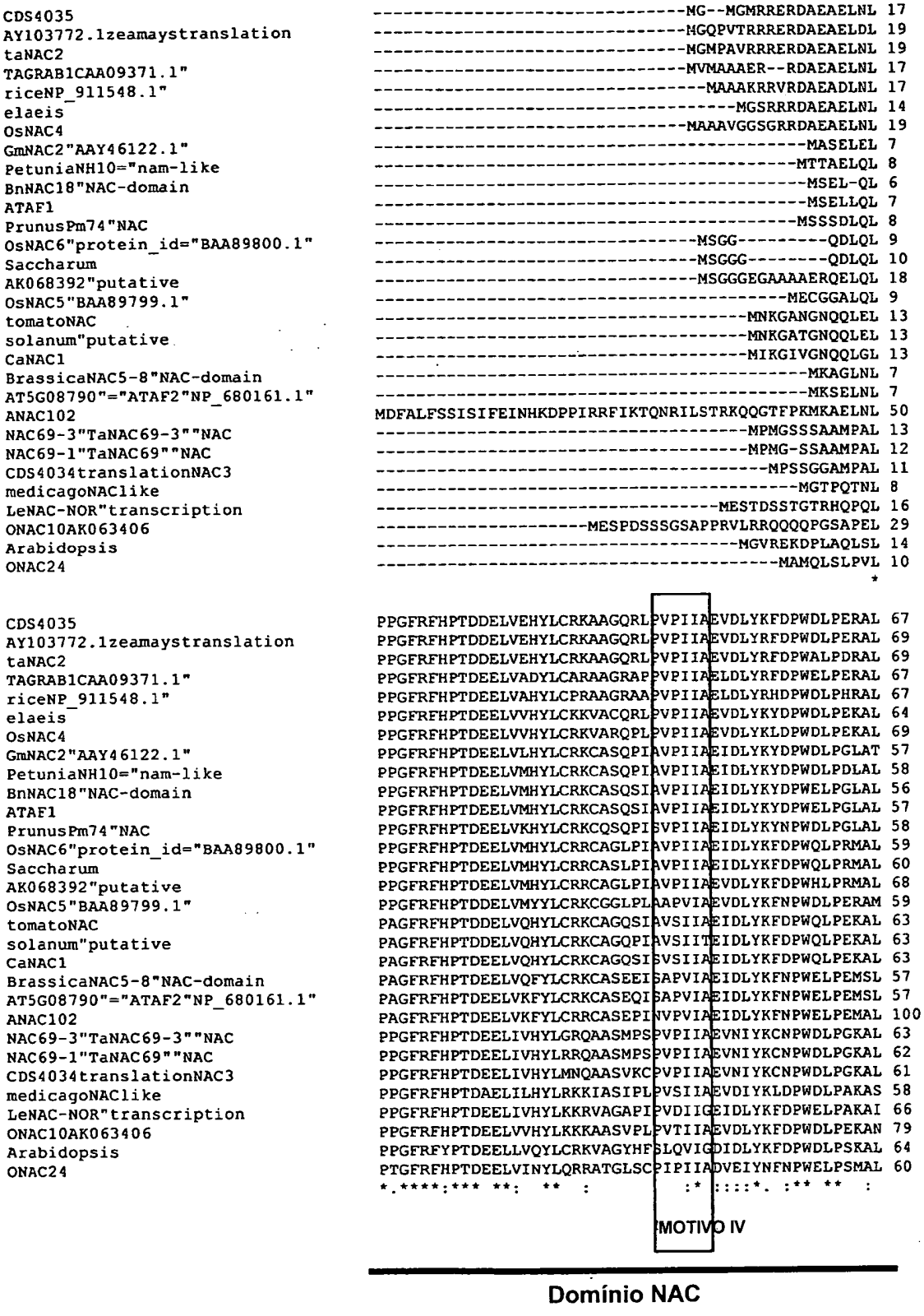

CDS4035
AY103772.1zeamaystranslation
taNAC2
TAGRAB1CAA09371.1"
riceNP_911548.1"
elaeis
OsNAC4
GmNAC2"AAY46122.1"
PetuniaNH10="nam-like
BnNAC18"NAC-domain
ATAF1
PrunusPm74"NAC
OsNAC6"protein_id="BAA89800.1"
Saccharum
AK068392"putative
OsNAC5"BAA89799.1"
tomatoNAC
solanum"putative
CaNAC1
BrassicaNAC5-8"NAC-domain
AT5G08790"="ATAF2"NP_680161.1"
ANAC102
NAC69-3"TaNAC69-3""NAC
NAC69-1"TaNAC69""NAC
CDS4034translationNAC3
medicagoNAClike
LeNAC-NOR"transcription
ONAC10AK063406
Arabidopsis
ONAC24
MOTIVO IV
Domínio NAC

FIGURA 6

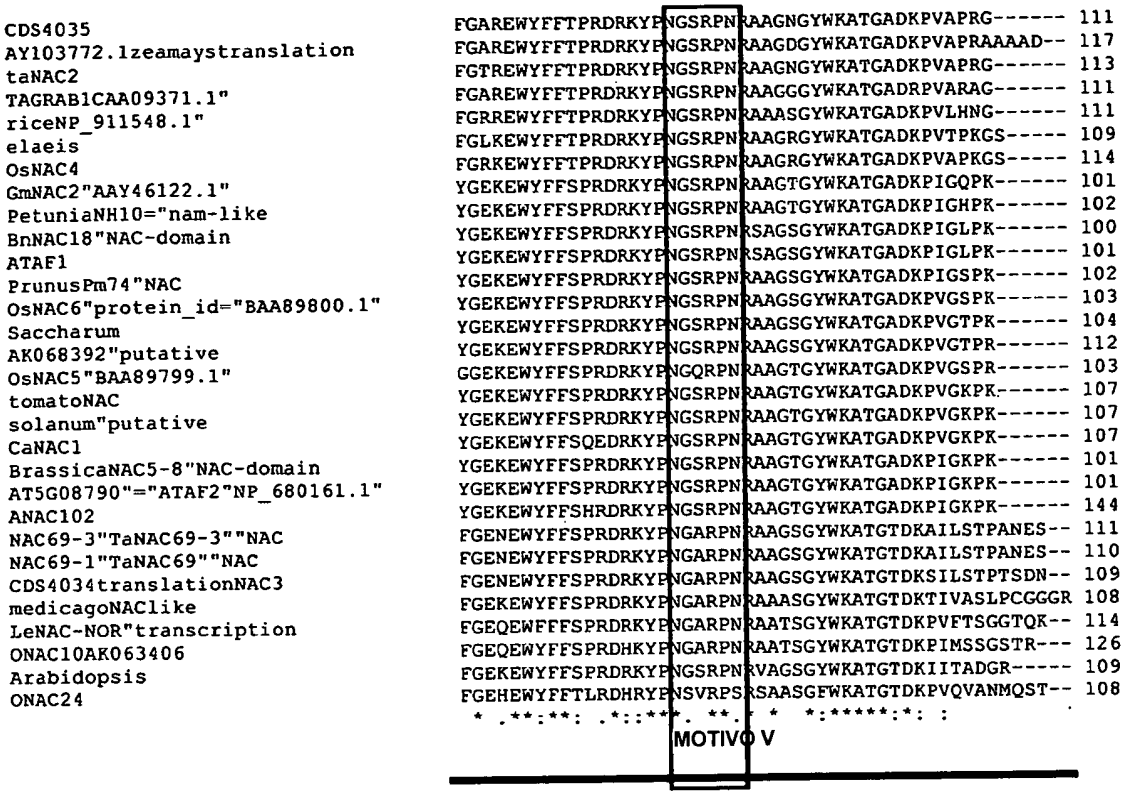


FIGURA 6 (Cont.)

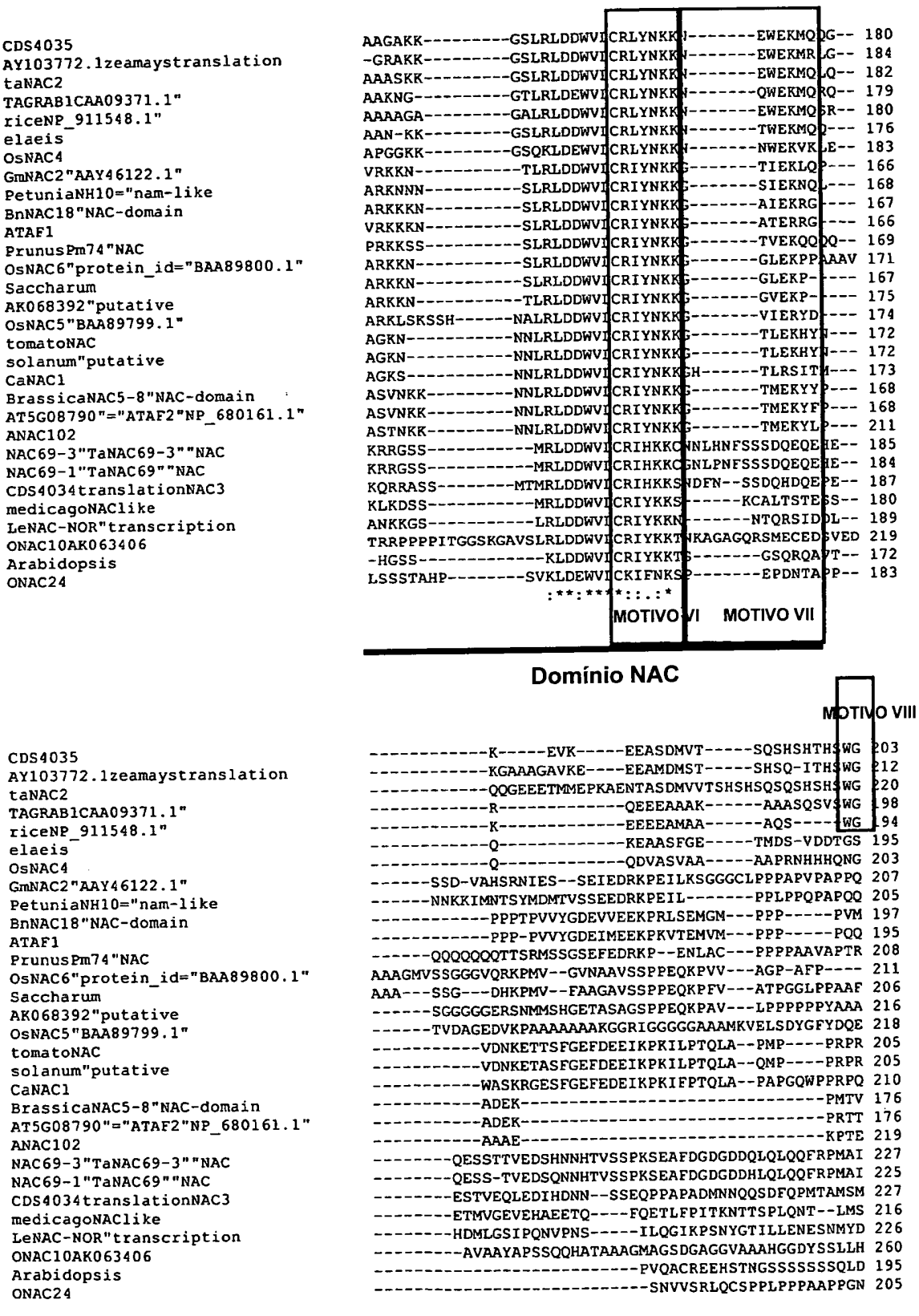


FIGURA 6 (Cont.)



FIGURA 6 (Cont.)



FIGURA 6 (Cont.)

```
LOC_Os07g47790.1|11977.m08994|  ----------MCGG 4
LOC_Os07g47790.2|11977.m29326|  ----------MCGG 4
LOC_Os01g21120.1|11971.m08596|  ----------MCGG 4
LOC_Os03g08470.1|11973.m06355|  ----------MCGG 4
LOC_Os03g08470.2|11973.m34802|  ----------MCGG 4
AT2G47520.1                     ----------MCGG 4
LOC_Os02g54160.1|11972.m10445|  ----------MCGG 4
LOC_Os06g09390.1|11976.m05658|  ----------MCGG 4
LOC_Os09g26420.1|11979.m05794|  ----------MCGG 4
LOC_Os09g26420.2|11979.m21992|  ----------MCGG 4
LOC_Os09g26420.3|11979.m22092|  ----------MCGG 4
AT1G53910.1                     ----------MCGG 4
AT1G53910.2                     ----------MCGG 4
AT3G14230.1                     ----------MCGG 4
AT3G14230.2                     ----------MCGG 4
AT3G14230.3                     ----------MCGG 4
AT3G16770.1                     ----------MCGG 4
LOC_Os07g42510.1|11977.m08483|  ----------MCGG 4
LOC_Os03g08490.1|11973.m06357|  ----------MCGG 4
LOC_Os03g08500.1|11973.m06358|  ----------MCGG 4
AT1G72360.1                     ----------MSQS 4
LOC_Os03g08460.1|11973.m06354|  ----------MCGG 4
LOC_Os05g29810.1|11975.m07218|  ----------MCGG 4
LOC_Os03g22170.1|11973.m07620|  ----------MCGG 4
LOC_Os10g25170.1|11980.m05467|  ----------MSQTQSNSNQTHLPTPNPSRARAMCGG 27
LOC_Os09g11460.1|11979.m04408|  ----------MRR- 3
LOC_Os09g11460.2|11979.m21977|  ----------MRR- 3
LOC_Os09g11480.1|11979.m04410|  ----------MCGG 4
LOC_Os12g41030.1|11982.m07885|  ----------
LOC_Os12g41060.1|11982.m07888|  ----------MCGG 4
AT1G80580.1                     ----------MENS 4
```

FIGURA 7



FIGURA 7 (Cont.)



FIGURA 7 (Cont.)

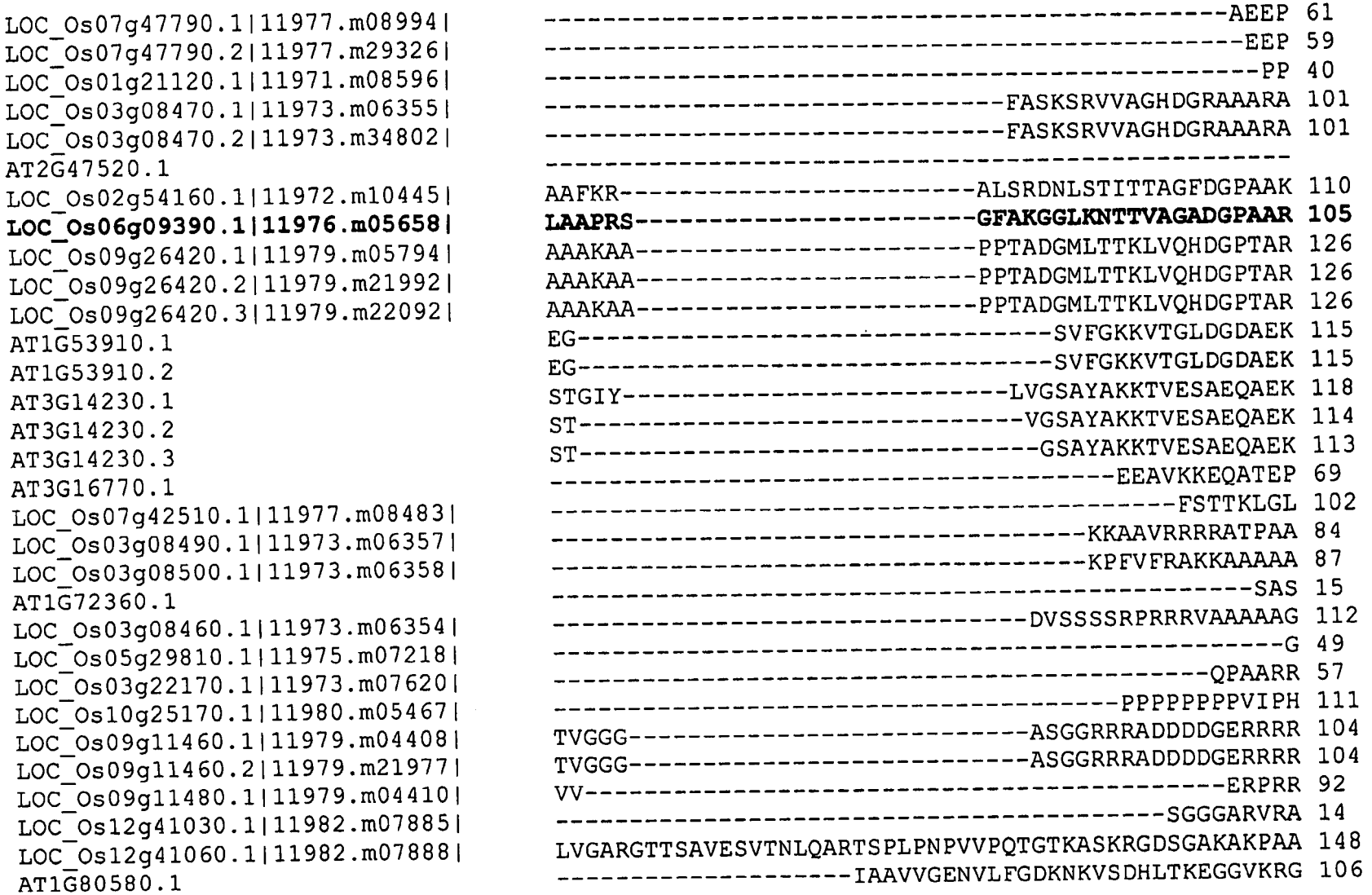


FIGURA 7 (Cont.)

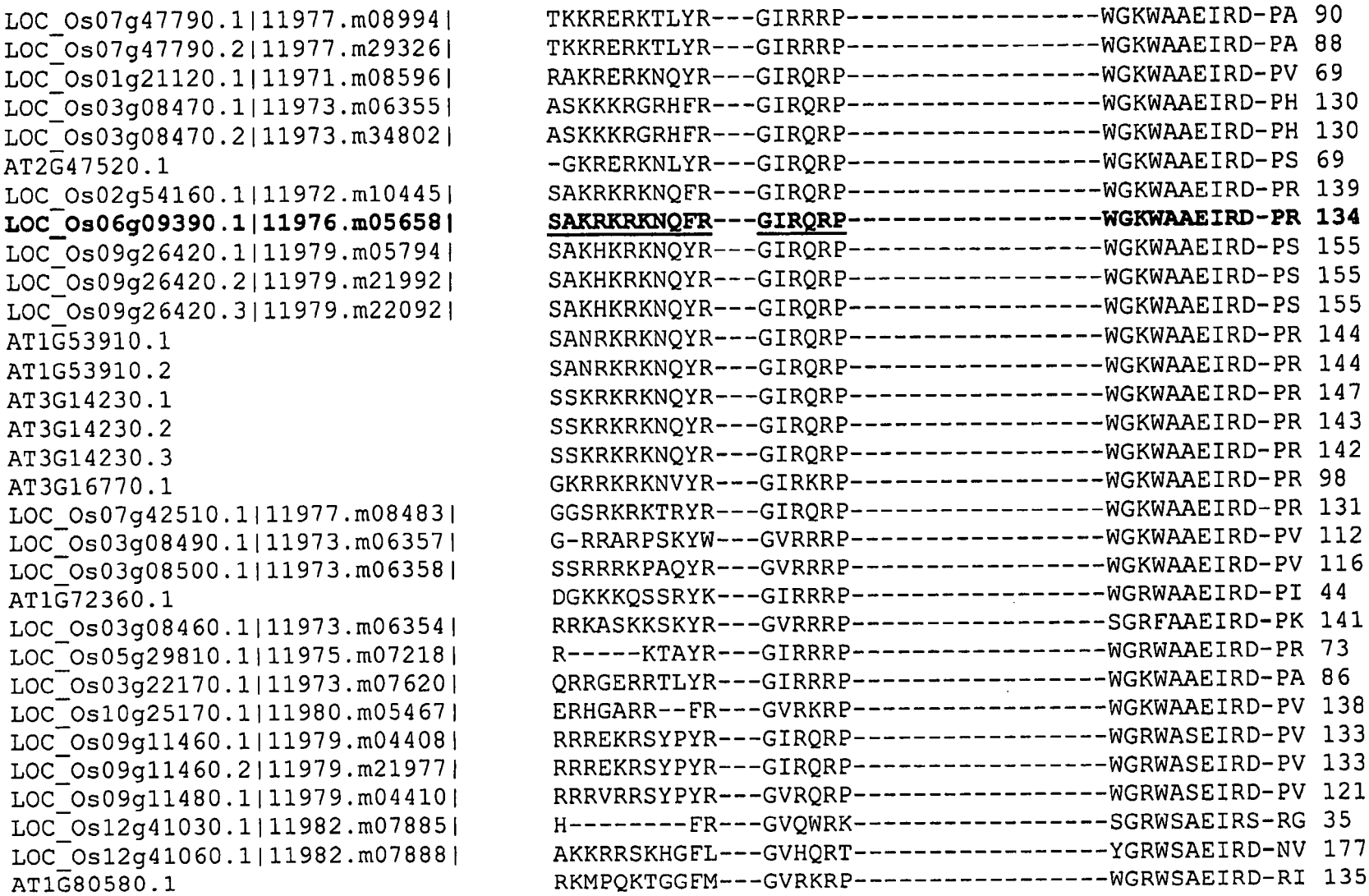


FIGURA 7 (Cont.)

```
LOC_Os07g47790.1|11977.m08994|  KGAR----------------------------VWLGTFATAEAAARAYDRAA 114
LOC_Os07g47790.2|11977.m29326|  KGAR----------------------------VWLGTFATAEAAARAYDRAA 112
LOC_Os01g21120.1|11971.m08596|  KGVR----------------------------VWLGTYPTAEAAARAYDRAA  93
LOC_Os03g08470.1|11973.m06355|  KGTR----------------------------VWLGTFNTPEEAARAYDVEA 154
LOC_Os03g08470.2|11973.m34802|  KGTR----------------------------VWLGTFNTPEEAARAYDVEA 154
AT2G47520.1                     KGVR----------------------------VWLGTFKTADEAARAYDVAA  93
LOC_Os02g54160.1|11972.m10445|  KGVR----------------------------VWLGTFNSAEEAARAYDAEA 163
LOC_Os06g09390.1|11976.m05658|  KGVR----------------------------VWLGTFNSPEEAARAYDAEA 158
LOC_Os09g26420.1|11979.m05794|  KGVR----------------------------VWLGTYNTAEEAARAYDAEA 179
LOC_Os09g26420.2|11979.m21992|  KGVR----------------------------VWLGTYNTAEEAARAYDAEA 179
LOC_Os09g26420.3|11979.m22092|  KGVR----------------------------VWLGTYNTAEEAARAYDAEA 179
AT1G53910.1                     EGAR----------------------------IWLGTFKTAEEAARAYDAAA 168
AT1G53910.2                     EGAR----------------------------IWLGTFKTAEEAARAYDAAA 168
AT3G14230.1                     KGSR----------------------------EWLGTFDTAEEAARAYDAAA 171
AT3G14230.2                     KGSR----------------------------EWLGTFDTAEEAARAYDAAA 167
AT3G14230.3                     KGSR----------------------------EWLGTFDTAEEAARAYDAAA 166
AT3G16770.1                     KGVR----------------------------VWLGTFNTAEEAAMAYDVAA 122
LOC_Os07g42510.1|11977.m08483|  KGVR----------------------------VWLGTFGTAEEAAMAYDVEA 155
LOC_Os03g08490.1|11973.m06357|  EGVR----------------------------VWLGTFATAEAAAHAYDAAA 136
LOC_Os03g08500.1|11973.m06358|  KGIR----------------------------VWLGTFTNAEAAALAYDDAA 140
AT1G72360.1                     KGVR----------------------------VWLGTFNTAEEAARAYDLEA  68
LOC_Os03g08460.1|11973.m06354|  KGRR----------------------------VWLGTYGSAEEAAMAYDREA 165
LOC_Os05g29810.1|11975.m07218|  KGAR----------------------------VWLGTYATAEEAARAYDVAA  97
LOC_Os03g22170.1|11973.m07620|  KGAR----------------------------VWLGTFATAEAAARAYDRAA 110
LOC_Os10g25170.1|11980.m05467|  RGVR----------------------------VWLGTFPTAESAARAYDAAA 162
LOC_Os09g11460.1|11979.m04408|  KGIR----------------------------VWLGTFDTAEGAARAYDDEV 157
LOC_Os09g11460.2|11979.m21977|  KGIR----------------------------VWLGTFDTAEGAARAYDDEV 157
LOC_Os09g11480.1|11979.m04410|  KGAR----------------------------VWLGTFDTAVEAARAYDAEA 145
LOC_Os12g41030.1|11982.m07885|  AWGR--R-------------------------RRLWIGTYDTAEEAARAYDAEA  62
LOC_Os12g41060.1|11982.m07888|  IKGS----------------------------RFWIGTFDTALDAALAYDAVS 202
AT1G80580.1                     GRCR----------------------------HWLGTFDTAEEAARAYDAAA 159
```

FIGURA 7 (Cont.)

```
LOC_Os07g47790.1|11977.m08994|  RRIRG----------AKAKVNFPNEDPPLDDP---------------------  136
LOC_Os07g47790.2|11977.m29326|  RRIRG----------AKAKVNFPNEDPPLDDP---------------------  134
LOC_Os01g21120.1|11971.m08596|  RRIRG----------AKAKVNFPNDFGAAPAP---------------------  115
LOC_Os03g08470.1|11973.m06355|  RRLRG----------SKAKVNFPATPAAARPRRGNTRATAVPPP---------  188
LOC_Os03g08470.2|11973.m34802|  RRLRG----------SKAKVNFPATPAAARPRRGNTRATAVPPP---------  188
AT2G47520.1                     IKIRG----------RKAKLNFPNT-----------------------------  108
LOC_Os02g54160.1|11972.m10445|  RRIRG----------KKAKVNFPE-APTTAQKRRAGSTTAKAPKSSV------  199
LOC_Os06g09390.1|11976.m05658|  RRIRG----------KKAKVNFPDGAPVASQRSHAEPSSMNMPAFSI-----  195
LOC_Os09g26420.1|11979.m05794|  RKIRG----------KKAKVNFPD-EPAVAQKLSLKQNAAKQEK--------  212
LOC_Os09g26420.2|11979.m21992|  RKIRG----------KKAKVNFPD-EPAVAQKLSLKQNAAKQEK--------  212
LOC_Os09g26420.3|11979.m22092|  RKIRG----------KKAKVNFPD-EPAVAQKLSLKQNAAKQEK--------  212
AT1G53910.1                     RRIRG----------SKAKVNFPEE-NMKANSQKR-SVKAN-LQKPV------  202
AT1G53910.2                     RRIRG----------SKAKVNFPEE-NMKANSQKR-SVKAN-LQKPV------  202
AT3G14230.1                     RRIRG----------TKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNLQKSV------  208
AT3G14230.2                     RRIRG----------TKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNLQKSV------  204
AT3G14230.3                     RRIRG----------TKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNLQKSV------  203
AT3G16770.1                     KQIRG----------DKAKLNFPDLHHPPPPNYTPPPSSPRSTDQPP------  159
LOC_Os07g42510.1|11977.m08483|  RRIRG----------KKAKVNFPDAAAAAPKRPRRSSAKHSPQQQK------  191
LOC_Os03g08490.1|11973.m06357|  RDLRG----------ATAKLNFPSSSS-STAATPRPRKCRPTTATAT-----  172
LOC_Os03g08500.1|11973.m06358|  RAIRG----------DRAKLNFPSATTPDTRKRGRATAAAAPAVKAT-----  177
AT1G72360.1                     KRIRG----------AKAKLNFPNESSGKRKAKAKT-----------------  94
LOC_Os03g08460.1|11973.m06354|  RRIRG----------KGARLNFPRDGDGSPRRSNDRPCWTIDLNLP------  201
LOC_Os05g29810.1|11197.m07218|  RDIRG----------AKAKLNFP-----------------------------  110
LOC_Os03g22170.1|11973.m07620|  RRIRG----------TKAKVNFPNEDNAFAAAPPPYHLAAYYGDAS------  146
LOC_Os10g25170.1|11980.m05467|  RRLRG----------AKAKPNFPSAPPPSAAAHRRKKRRAHAATRS------  198
LOC_Os09g11460.1|11979.m04408|  RRIYG----------GNAKTNFPPS-PPTPPPPPEK----------------  181
LOC_Os09g11460.2|11979.m21977|  RRIYG----------GNAKTNFPPS-PPTPPPPPEK----------------  181
LOC_Os09g11480.1|11979.m04410|  RRIHG----------HKARTNFPPDEPPLPAPSQAPFCFLLDDDDD------  181
LOC_Os12g41030.1|11982.m07885|  RRLHG----------AKAKTNFP----------PPPPPTAVHDDHVDL-----  90
LOC_Os12g41060.1|11982.m07888|  RRLYG----------LNAKTNFPAAAGEDDLPPPPPPPAKPCSSTKR------  238
AT1G80580.1                     RRLRG----------TKAKTNFVIP----------PLFPKEIAQAQEDNR-----  189
```

FIGURA 7 (Cont.)



FIGURA 7 (Cont.)

```
LOC_Os07g47790.1|11977.m08994|  -----AIPCREFMDYDAVMAGFFHQPYVV------ADGVPAVP------ 178
LOC_Os07g47790.2|11977.m29326|  -----AIPCREFMDYDAVMAGFFHQPYVV------ADGVPAVP------ 176
LOC_Os01g21120.1|11971.m08596|  ------VAPTPAVLPPPKMEAVSEGAGACS------SDEVKELS------ 157
LOC_Os03g08470.1|11973.m06355|  ------MMTSSFTDSVATSESGGSPAKKAR------SDDVDSSEGS---- 266
LOC_Os03g08470.2|11973.m34802|  ------MMTSSFTDSVATSESGGSPAKKAR------SDDVDSSEGS---- 266
AT2G47520.1                     ----------QVEEEADTKPGGNQNELIS------ENQVESLS------ 135
LOC_Os02g54160.1|11972.m10445|  ------MNSAAPIEDPIIN--SDQGSNSFGCSDFGWENDTKTPDITSIAP 284
LOC_Os06g09390.1|11976.m05658|  ------MN--AIEDTFVNLSSDQGSNSFGCSDFSQENDIKTPDITSMLA 280
LOC_Os09g26420.1|11979.m05794|  ------VKPLASTETFEMNMLSDTSSNSFGSSDFGWEDDTLTPDYTSVFV 299
LOC_Os09g26420.2|11979.m21992|  ------VKPLASTETFEMNMLSDTSSNSFGSSDFGWEDDTLTPDYTSVFV 299
LOC_Os09g26420.3|11979.m22092|  ------VKPLASTETFEMNMLSDTSSNSFGSSDFGWEDDTLTPDYTSVFV 299
AT1G53910.1                     NQFGMTNSVDAG-CNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFGWSDQAPITPDISS-- 285
AT1G53910.2                     NQFGMTNSVDAG-CNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFGWSDQAPITPDISS-- 285
AT3G14230.1                     -QFGLTNSFDAGGNNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFGWSDHGPKTPEISS-- 299
AT3G14230.2                     -QFGLTNSFDAGGNNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFGWSDHGPKTPEISS-- 295
AT3G14230.3                     -QFGLTNSFDAGGNNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFGWSDHGPKTPEISS-- 294
AT3G16770.1                     ----------------DEFQNLS----------------YGFEPDYDLKQQISSLE 212
LOC_Os07g42510.1|11977.m08483|  ------VKLELLSETDPSPPMAAAAAWLDAFELNDLDGSRCKDNAFD-- 277
LOC_Os03g08490.1|11973.m06357|  ---------MSASSDDDAAAQQALLDAAG-GAKKRPRSEPHVTSDDEVLP- 251
LOC_Os03g08500.1|11973.m06358|  ---------MSASDEFAVAAAALSLDSDDDLAKKRPRTEPEDTTDS----- 257
AT1G72360.1                     ----------ENNPDTLLIDTQWLEDIIMGDANKKHEPNDSEEANN------ 161
LOC_Os03g08460.1|11973.m06354|  ----------ALSAAKCKIKQCPRDEQMASATPELMEEDASSSRNMVP--- 273
LOC_Os05g29810.1|11975.m07218|  ----------------HHHHHHQQESSGS------SSASSLPPTPP---- 157
LOC_Os03g22170.1|11973.m07620|  ----------EQQLMTTTAVEYSVNDAVDVASVYFQPPPPPAVAYEFS----- 201
LOC_Os10g25170.1|11980.m05467|  ----------GHGGAKSMPTTSHTSQPAPPATVASENVDDPEVFDPYDVHGGL- 274
LOC_Os09g11460.1|11979.m04408|  ----------STTPTTTTEDSGDSRILIECCSDDLMDSLLAAFDMTT---- 225
LOC_Os09g11460.2|11979.m21977|  ----------STTPTTTTEDSGDSRILIECCSDDLMDSLLAAFDMTT---- 225
LOC_Os09g11480.1|11979.m04410|  ----------TTSSTVASGERGDELILLECCSDDVMDSLLAGFDVSS---- 240
LOC_Os12g41030.1|11982.m07885|  ----------GDQ-----ETPPESQVGDDQ-------AGGQHQHHHG----- 128
LOC_Os12g41060.1|11982.m07888|  ----------AAPPQAVDTPAAAAAGVELTSLLCSVAAQAQEVSDG------ 287
AT1G80580.1                     ----------SVRKCVKVTSVAQLFDDANFINSSSIKGNVISSIDN------ 238
```

FIGURA 7 (Cont.)

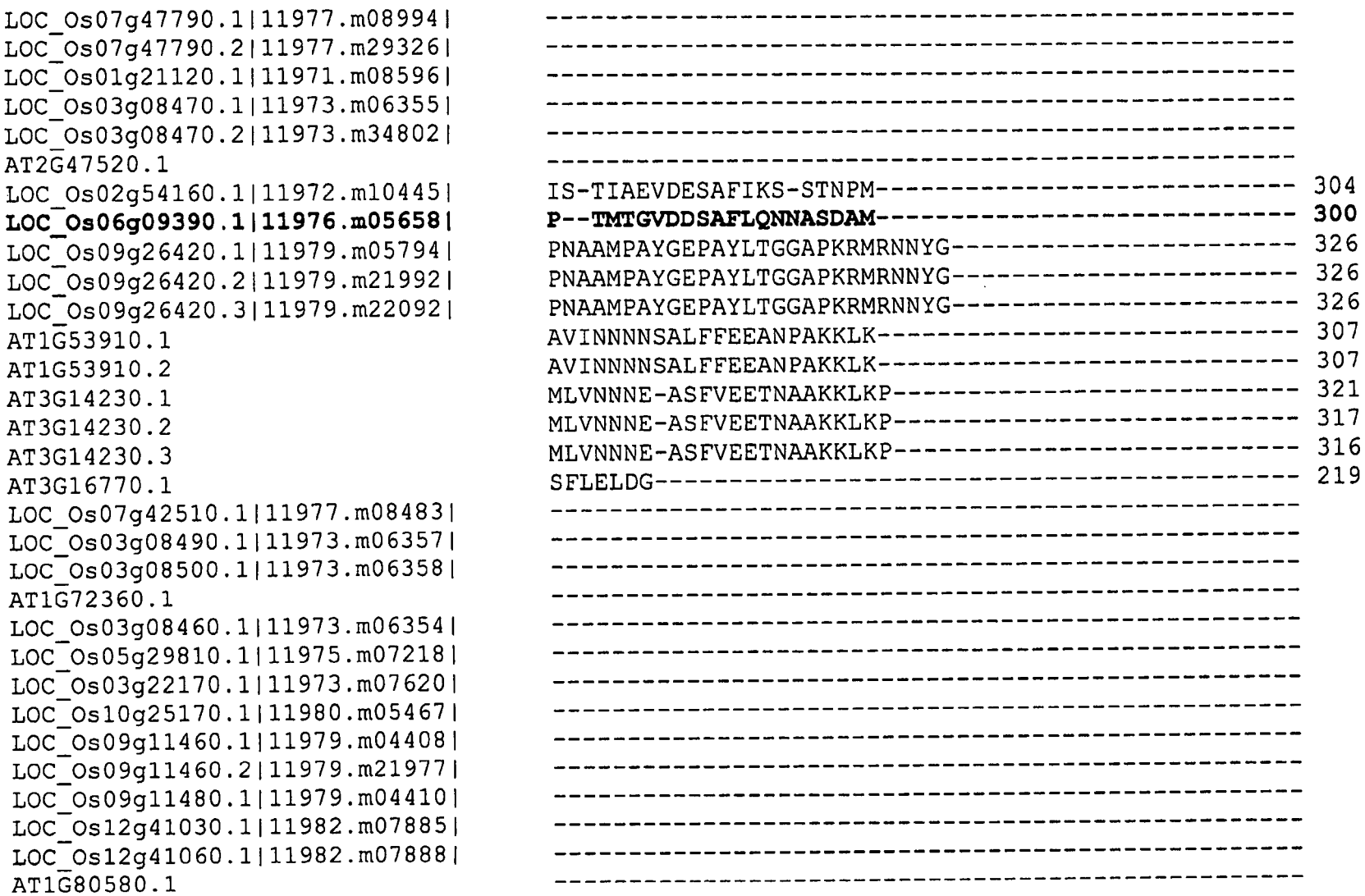


FIGURA 7 (Cont.)



FIGURA 7 (Cont.)

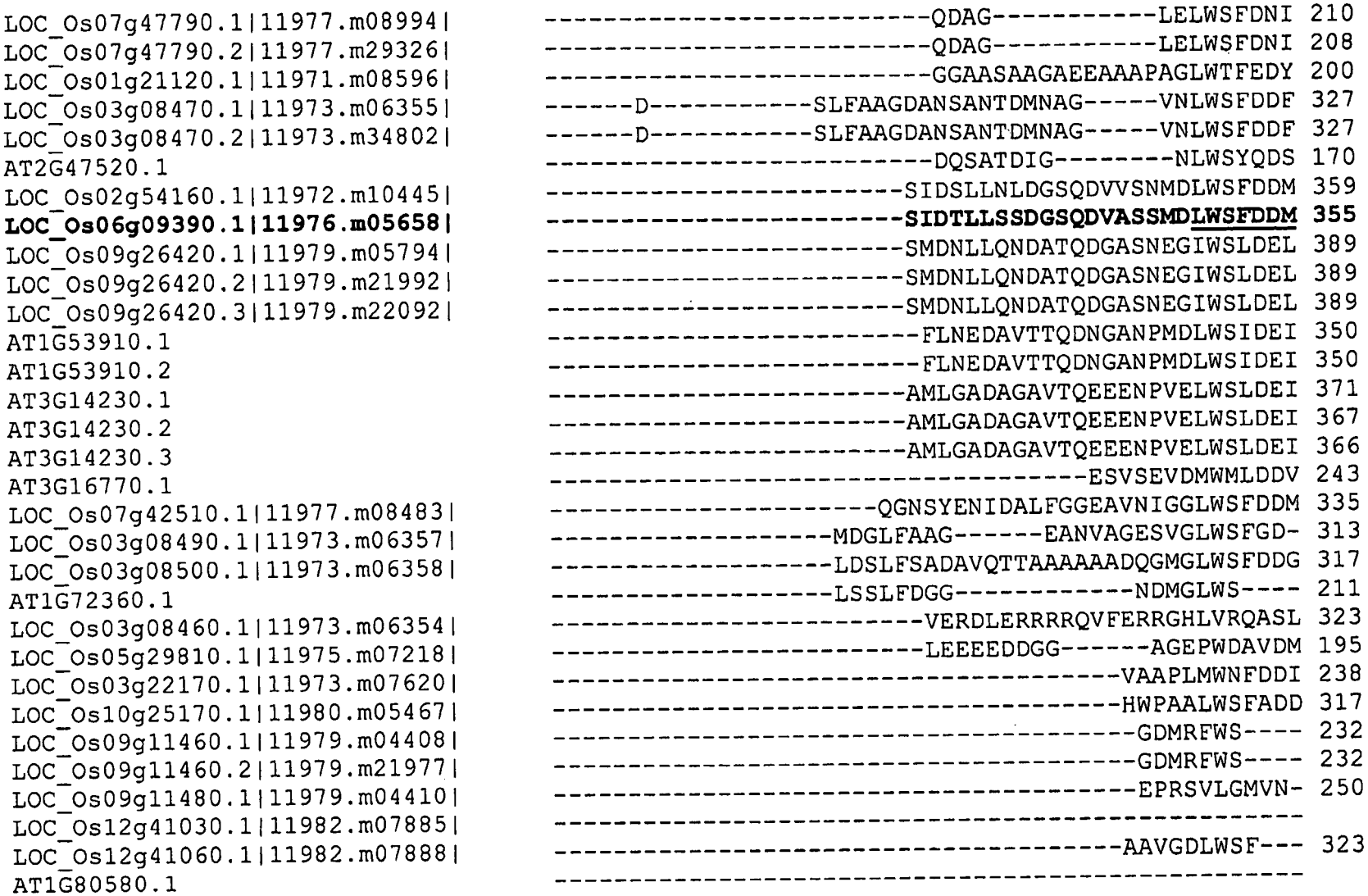


FIGURA 7 (Cont.)

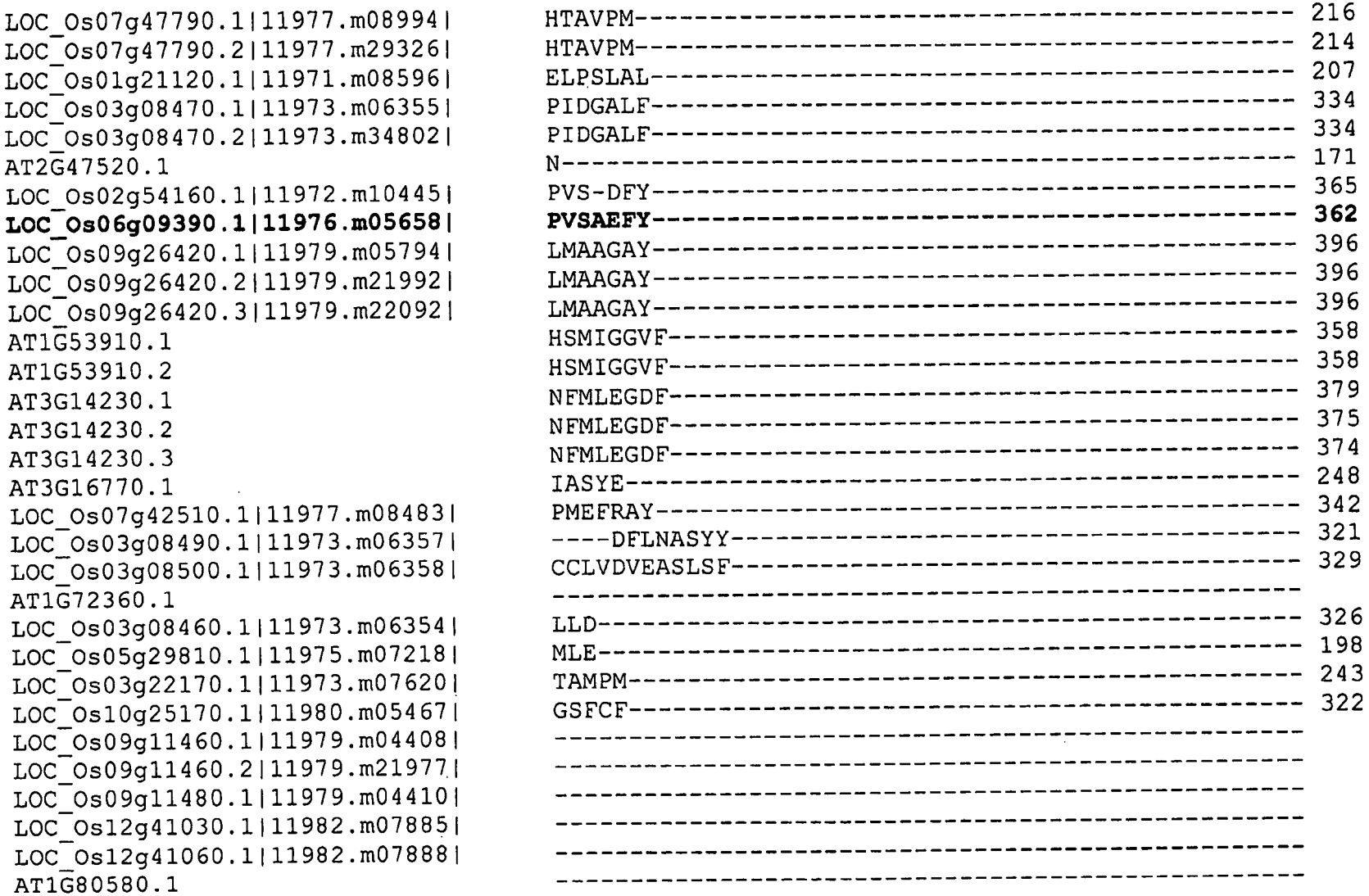


FIGURA 7 (Cont.)

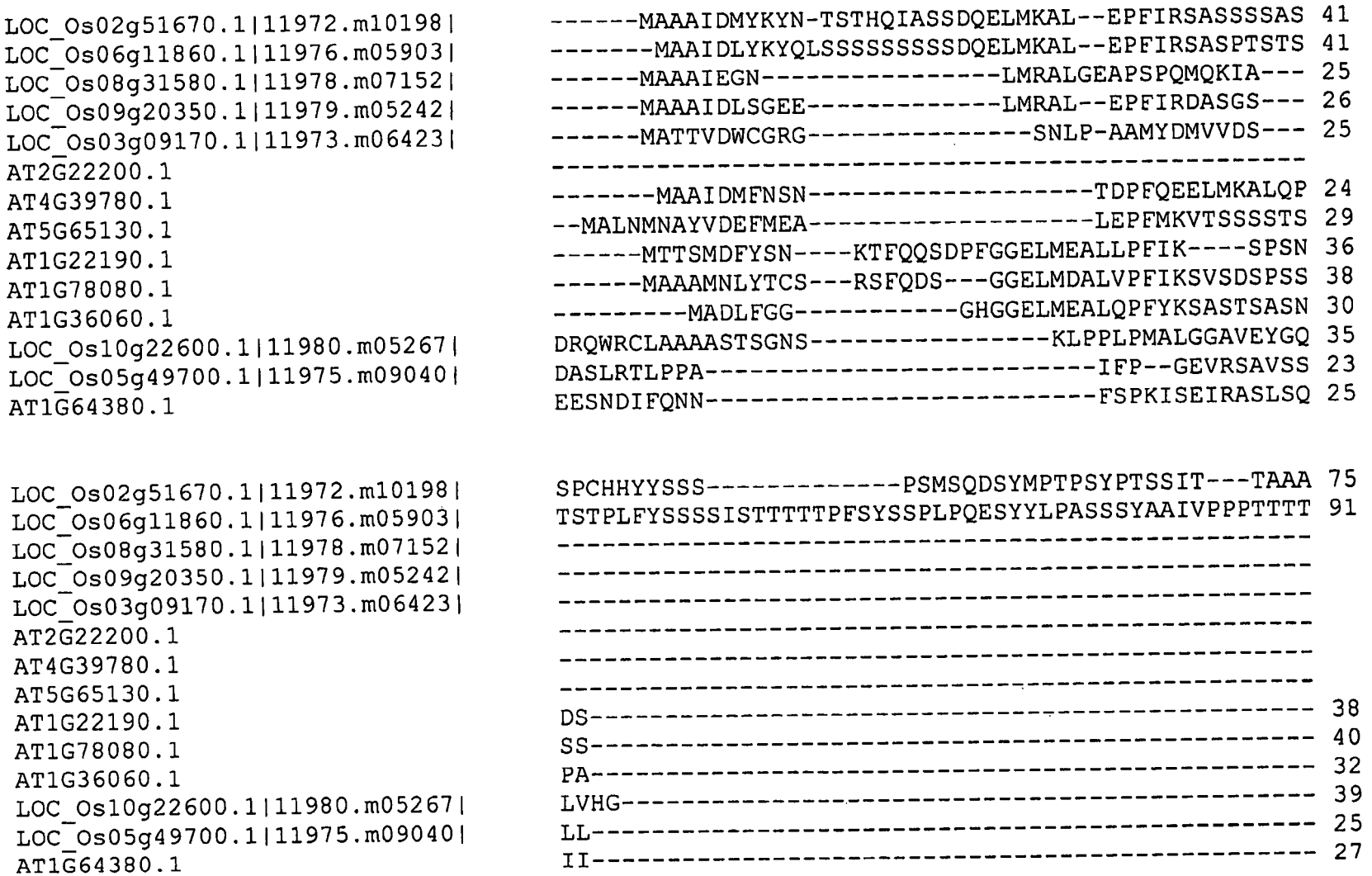

LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|
AT2G22200.1
AT4G39780.1
AT5G65130.1
AT1G22190.1
AT1G78080.1
AT1G36060.1
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|
AT1G64380.1
------MAAAIDMYKYN-TSTHQIASSDQELMKAL--EPFIRSASSSSAS 41
-------MAAIDLYKYQLSSSSSSSSSDQELMKAL--EPFIRSASPTSTS 41
------MAAAIEGN----------LMRALGEAPSPQMQKIA--- 25
------MAAAIDLSGEE----------LMRAL--EPFIRDASGS--- 26
------MATTVDWCGRG----------SNLP-AAMYDMVVDS--- 25
-------MAAIDMFNSN----------TDPFQEELMKALQP 24
--MALNMNAYVDEFMEA----------LEPFMKVTSSSSTS 29
------MTTSMDFYSN----KTFQQSDPFGGELMEALLPFIK----SPSN 36
------MAAAMNLYTCS---RSFQDS---GGELMDALVPFIKSVSDSPSS 38
---------MADLFGG----------GHGGELMEALQPFYKSASTSASN 30
DRQWRCLAAAASTSGNS----------KLPPLPMALGGAVEYGQ 35
DASLRTLPPA----------IFP--GEVRSAVSS 23
EESNDIFQNN----------FSPKISEIRASLSQ 25
SPCHHYYSSS----------PSMSQDSYMPTPSYPTSSIT---TAAA 75
TSTPLFYSSSSISTTTTTPFSYSSPLPQESYYLPASSSYAAIVPPPTTTT 91
DS---------- 38
SS---------- 40
PA---------- 32
LVHG---------- 39
LL---------- 25
II---------- 27

FIGURA 8

```
LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  TTTSSFSQLPPLYSSQYHAA----------SPAASATN 103
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  NTTTSFSELPPLPPSSSSFA----------SPANAAA- 118
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  --PPPFHPGLPPAPANFSSA----------GVHGFHY- 50
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  --PPVCSQFSPTSPFSFPHA----------FAYGGGL- 51
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  ---KELMGALAPSMVSFSYP----------CSEQSASS 50
AT2G22200.1                     ----METASLSF---PVPNT----------SFGVN-KS 20
AT4G39780.1                     --YTTNTDSSSP---TYSNT----------VFGFN-QT 46
AT5G65130.1                     --NSSNPKPLTPNFIPNNDQ----------VLPVSNQT 55
AT1G22190.1                     --SAFA---------FSLP----------AP 48
AT1G78080.1                     --AASASAFLHPSAFSLPPLPGYY----------PDSTFLTQP 71
AT1G36060.1                     --FASSNDAFASAPNDLFSSSSYYNPHASLFPSHSTTSYPDIYSGSMTYP 80
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  -AAAPVAPFFVDAEQQSLSP----------ATAMVLGA 66
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  --LSPGGSALDTVFSHLPP----------PVTI 46
AT1G64380.1                     --LAGGPNTLDSIFSLLTPSSVESATTS----------FNTHNPPPP 62

LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  GPMGLTHLGPAQ----------IQQIQAQFLAQQQ-QQRALAG-- 135
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  --VGLAHLGPEQ----------IQQIQVQFLMQQQLQQRGMAASA 151
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  --MGPAQLSPAQ----------IQRVQAQLHMQRQ----AQSG-- 77
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  --AQQPELSPAQ----------MHYIQARLHLQRQ----AAQAG- 79
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  LLAGANYLTPAQ----------VLHVQAQLQRLRR--PGAASG-- 81
AT2G22200.1                     MPLGLNQLTPYQ----------IHQIQNQLNHR-----RSTIS-- 48
AT4G39780.1                     TSLGLNQLTPYQ----------IHQIQNQLNQR-----RNIISP- 75
AT5G65130.1                     GPIGLNQLTPTQ----------ILQIQTELHLRQNQSRRRAGSH- 89
AT1G22190.1                     ISYGSDLH----------SFSHH- 61
AT1G78080.1                     FSYGSDLQQTGSLIGLNNLSSSQIHQIQSQIHHPLPPTHHNNNNSFSNL- 120
AT1G36060.1                     SSFGSDLQQPEN----------YQSQFHYQNTITYTHQDNNTCMLNF- 117
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  GWYNYNLVTPSQ----------AAQLHHRLRRAVGAAPCSMKRCG 101
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  PPLGSSVYYRQS----------ELLRHFAAS---------- 67
AT1G64380.1                     PQLGSSVYLRQR----------DIIEKFHLQNRAISTPHPPLFS 96
```

FIGURA 8 (Cont.)

FIGURA 8 (Cont.)

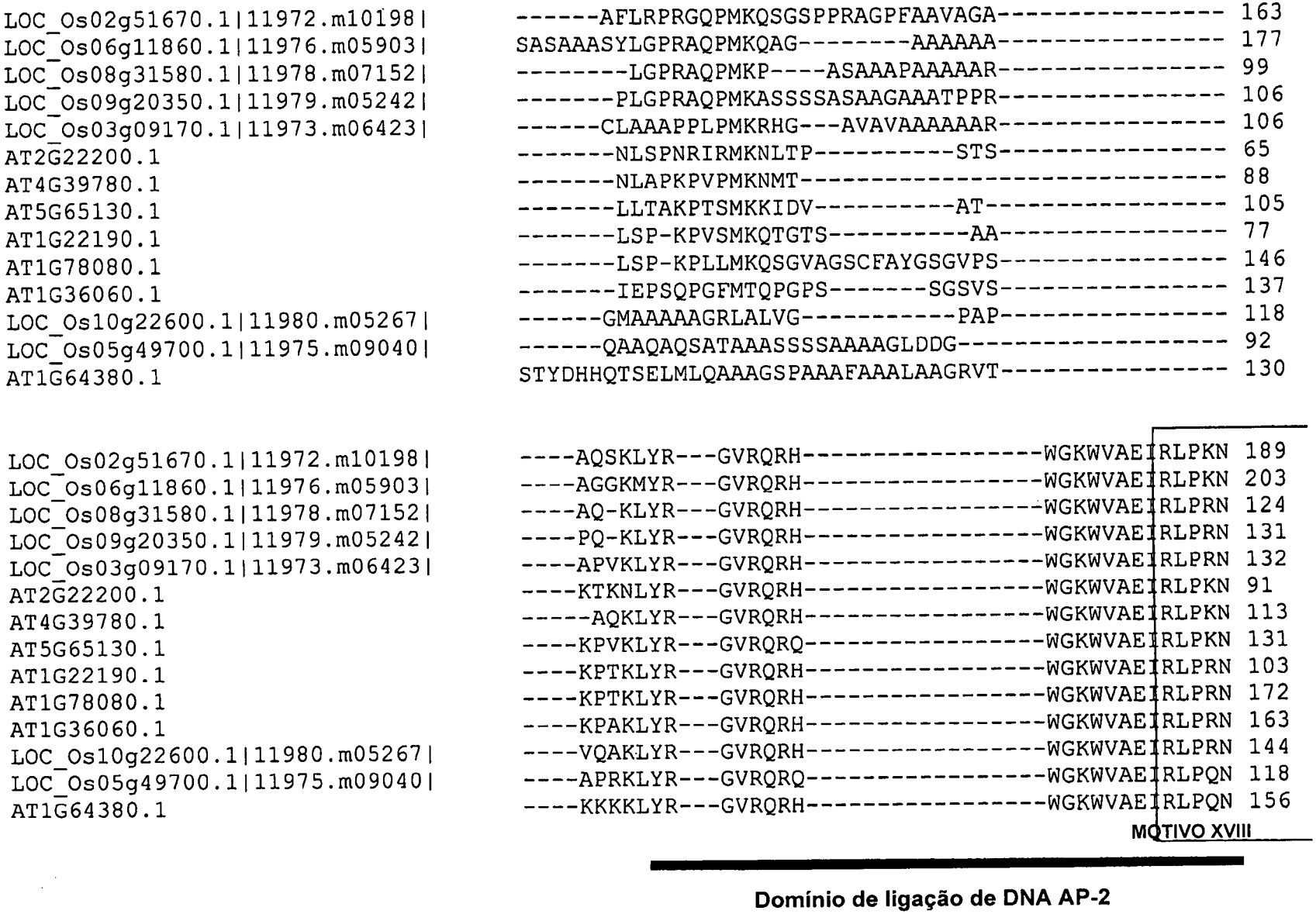
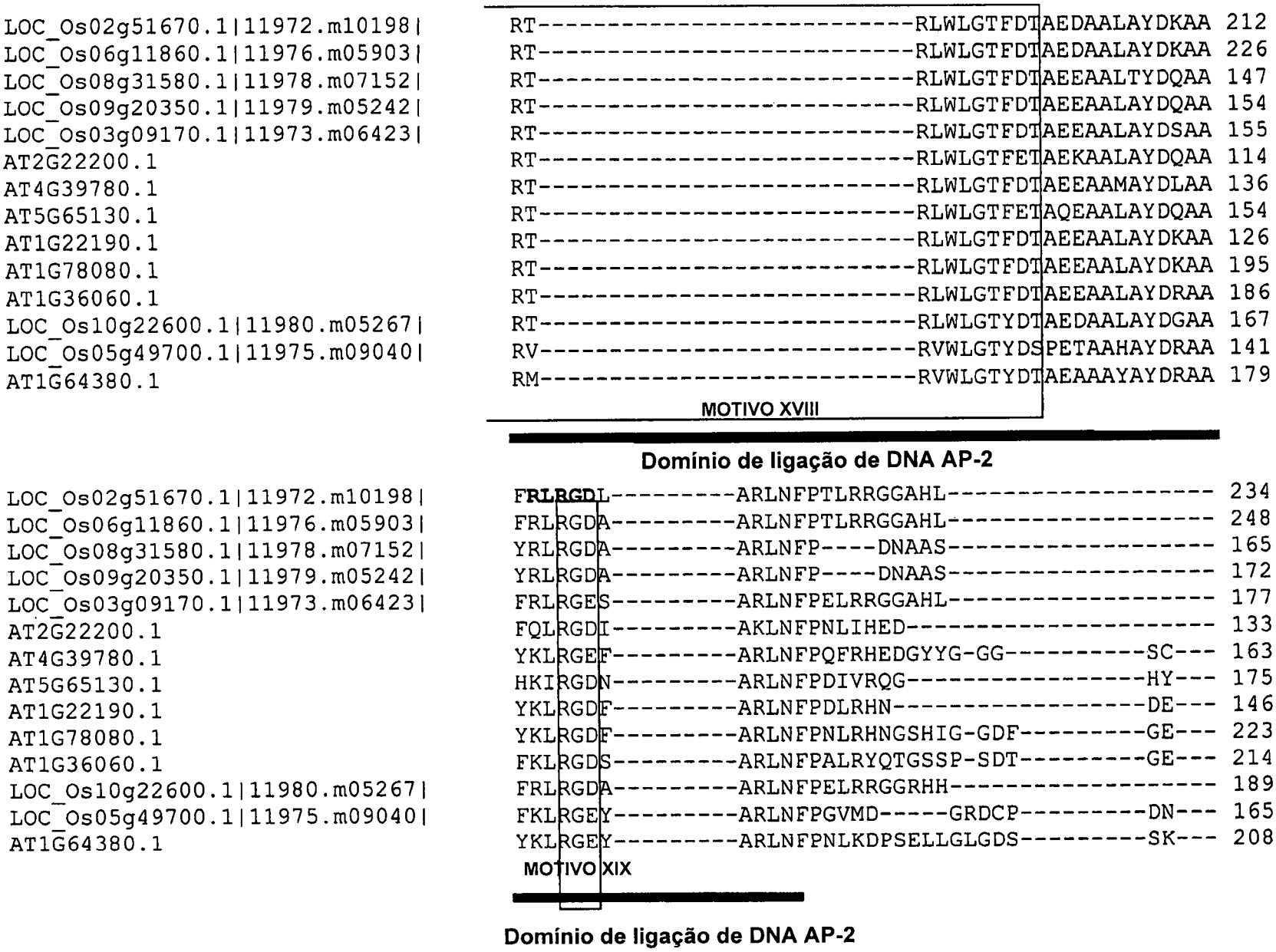


FIGURA 8 (Cont.)



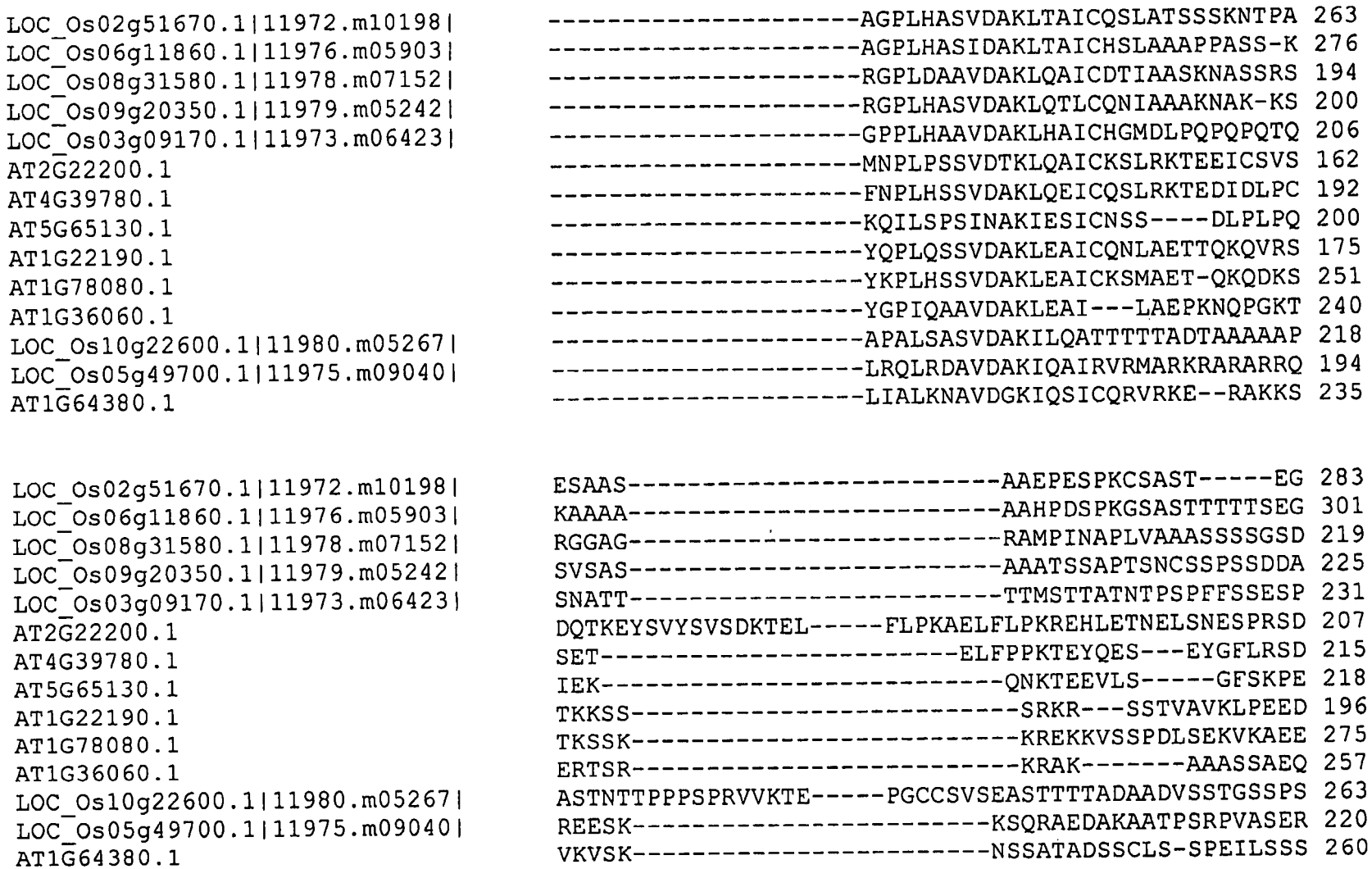


FIGURA 8 (Cont.)

```
LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  -EDSVS----------------------------------------AGSPP 293
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  DESAIS---------------------------------------ACSPP 312
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  HSGGGD--------------------------------------DGGSE 230
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  SSCLES---------------------------------------ADSSP 236
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  VVKSEP---------------------------------------VCSAS 242
AT2G22200.1                     -ETSLL----------------------------------------DESQA 217
AT4G39780.1                     -ENSFS----------------------------------------DESHV 225
AT5G65130.1                     KEPEFG----------------------------------------EIYGC 229
AT1G22190.1                     YS-SAG----------------------------------------SSPLL 206
AT1G78080.1                     NSVSIG----------------------------------------GSPPV 286
AT1G36060.1                     PS--------------------------------------------APQQH 264
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  PTSSNQ--------------------------------------AATAT 274
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  AASETT--------------------------------------TTTTT 231
AT1G64380.1                     PVTTTT----------------------------------------TAVTS 271

LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  PPTPLSPP----------VPEMEKLDFTEAPWD-ESETF---------- 321
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  LPPPPPPPP---------AALPEMANLDFTEAPWD-ESDAF---------- 343
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  TSSSSAAAS---------PLAEMEQLDFSEVPWD-EAEGF---------- 260
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  SLSPSSAATTAET--PATVPEMQQLDFSEAPWD-EAAAF---------- 272
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  ESSSSADGDVSSTGSSDVVPEMQLLDFSEAPWD-ESESF---------- 280
AT2G22200.1                     EYS-SSD----------KTFLDFSDTEFE-EIGSF---------- 240
AT4G39780.1                     ESS-SPESG----------ITTFLDFSDSGFD-EIGSF---------- 251
AT5G65130.1                     GYSGSSPES----------DITLLDFSSDCVK-EDESFL--------- 257
AT1G22190.1                     TESYGSGGS----------SSPLSELTFGDTEEEIQPPWNEN------- 238
AT1G78080.1                     TEFEESTAG----------SSPLSDLTFADPEEPPQ--WNETF----- 317
AT1G36060.1                     SGSGESDGS----------GSPTSDVMVQEMCQEPEMPWNENF----- 297
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  PPAPRPPPP----------LPETIQQLDFTEAPWD-EADGF----- 304
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  TSSSYGSPD----------GVLSMS-----AASVDGDCP-------- 255
AT1G64380.1                     EDSYWVSPM----------GLCNSENSSPVSVSVPSEVPATAE----EEAM 308
```

FIGURA 8 (Cont.)

```
LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  ----------HLRKYPSWEI 331
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  ----------HLYKCPSWEI 353
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  ----------ALTKYPSYEI 270
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  ----------ALTKYPSYEI 282
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  ----------LLHKYPSLEI 290
AT2G22200.1                     ----------GLRKFPSVEI 250
AT4G39780.1                     ----------GLEKFPSVEI 261
AT5G65130.1                     ----------MGLHKYPSLEI 268
AT1G22190.1                     ----------ALEKYPSYEI 248
AT1G78080.1                     ----------SLEKYPSYEI 327
AT1G36060.1                     ----------MLGKCPSYEI 307
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  ----------ALRRYPSWEI 314
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  ----------LERMPSFDP 264
AT1G64380.1                     ----------DTDGFLLARMPSFDP 326

LOC_Os02g51670.1|11972.m10198|  DWDSILS---------- 338
LOC_Os06g11860.1|11976.m05903|  DWDSILS---------- 360
LOC_Os08g31580.1|11978.m07152|  DWDSLLNNNN------ 280
LOC_Os09g20350.1|11979.m05242|  DWDSLLAAN------- 291
LOC_Os03g09170.1|11973.m06423|  DWDAILS---------- 297
AT2G22200.1                     DWDAISKLANS------- 261
AT4G39780.1                     DWDAISKLSES------- 272
AT5G65130.1                     DWDAIEKLF--------- 277
AT1G22190.1                     DWDSILQCSSLVN----- 261
AT1G78080.1                     DWDSILA----------- 334
AT1G36060.1                     DWASILS----------- 314
LOC_Os10g22600.1|11980.m05267|  DWDAILS---------- 321
LOC_Os05g49700.1|11975.m09040|  ELIWEMLNF------- 273
AT1G64380.1                     ELIWEVLAN-------- 335
```

FIGURA 8 (Cont.)

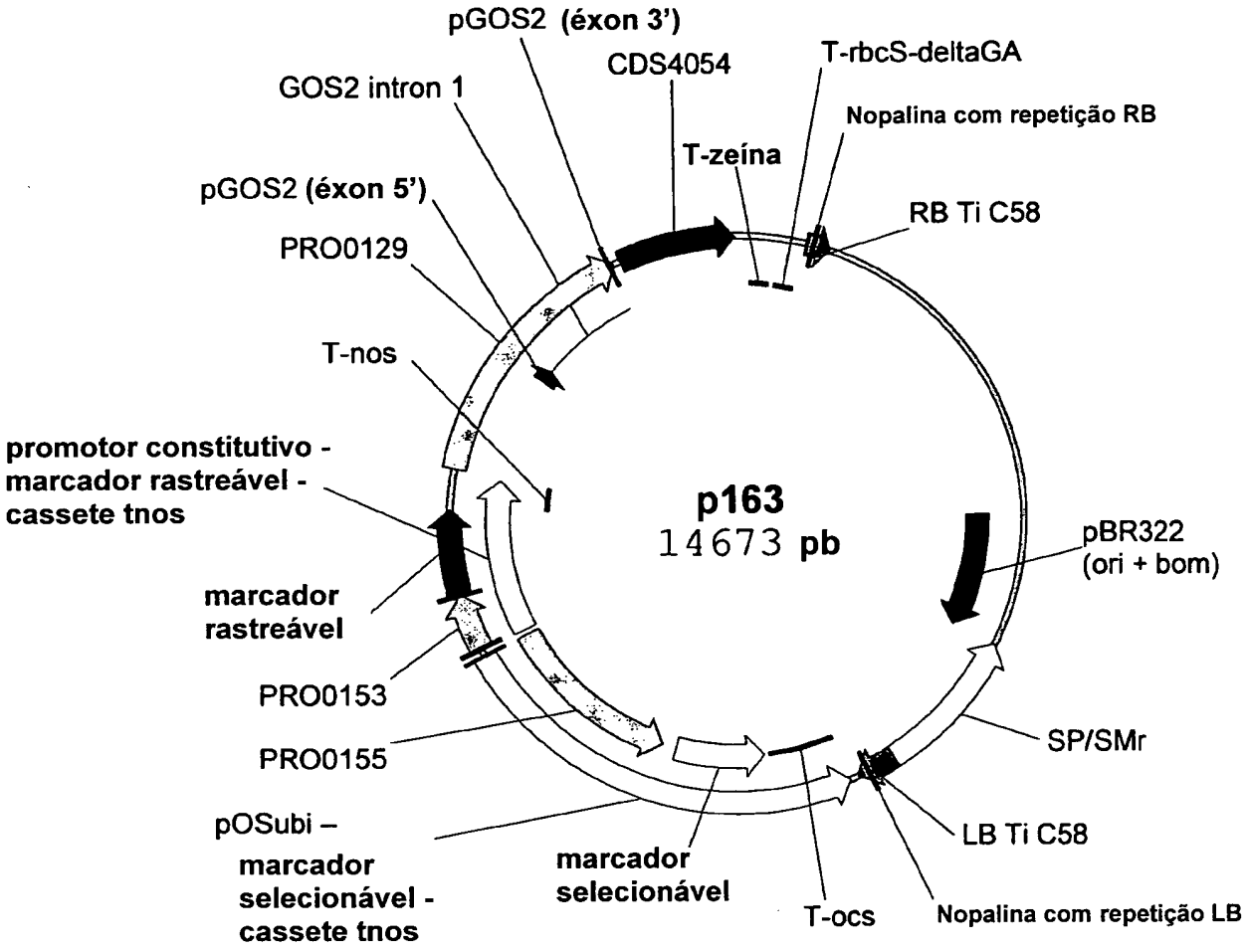

pGOS2 (éxon 3')
CDS4054
T-rbcS-deltaGA
GOS2 intron 1
Nopalina com repetição RB
T-zeína
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
PRO0129
T-nos
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
p163
14673 pb
pBR322 (ori + bom)
marcador rastreável
PRO0153
PRO0155
SP/SMr
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
marcador selecionável
LB Ti C58
T-ocs
Nopalina com repetição LB

FIGURA 9

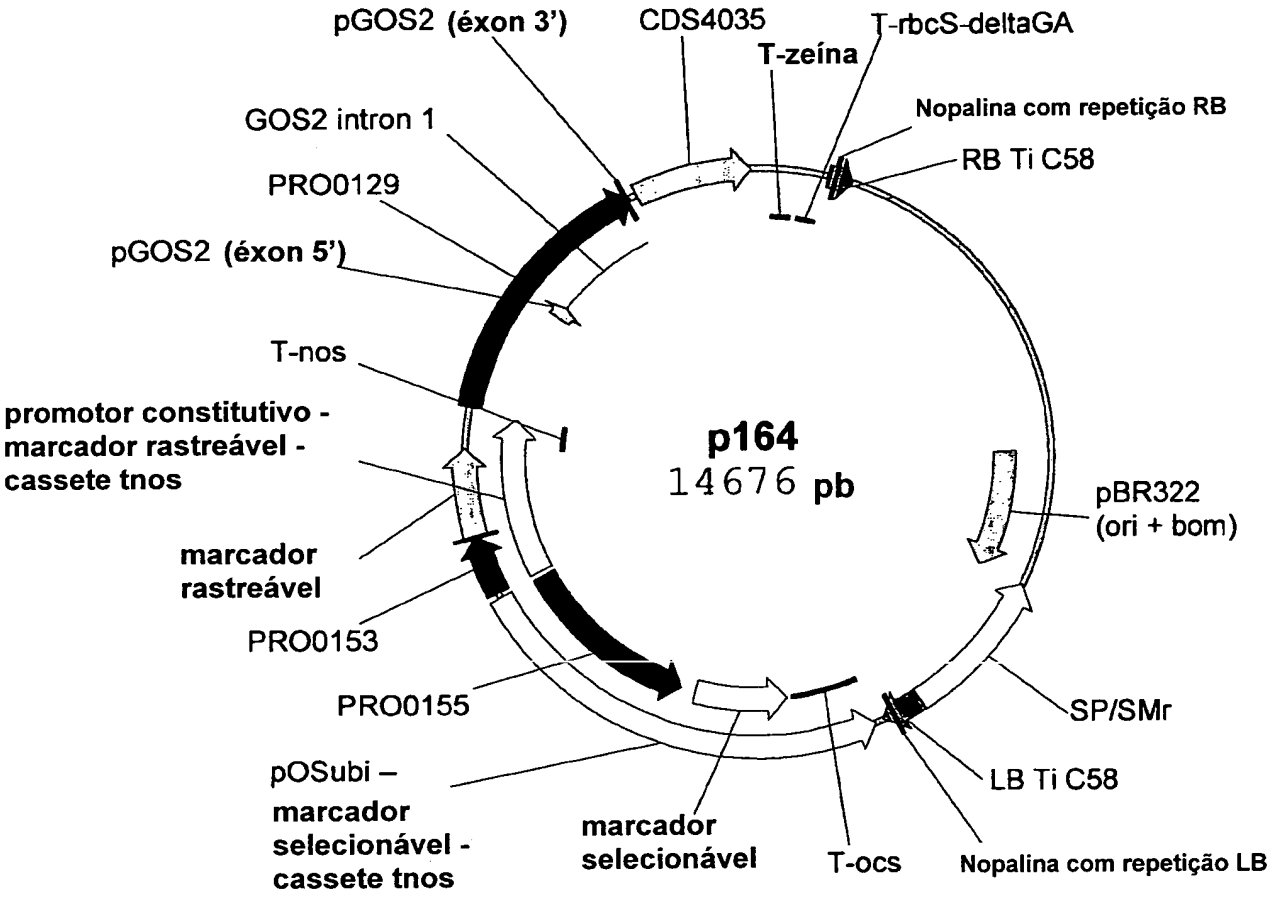

pGOS2 (éxon 3')
CDS4035
T-rbcS-deltaGA
T-zeína
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
GOS2 intron 1
PRO0129
pGOS2 (éxon 5')
T-nos
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
marcador rastreável
PRO0153
PRO0155
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
p164
14676 pb
pBR322 (ori + bom)
SP/SMr
LB Ti C58
marcador selecionável
T-ocs
Nopalina com repetição LB

FIGURA 10

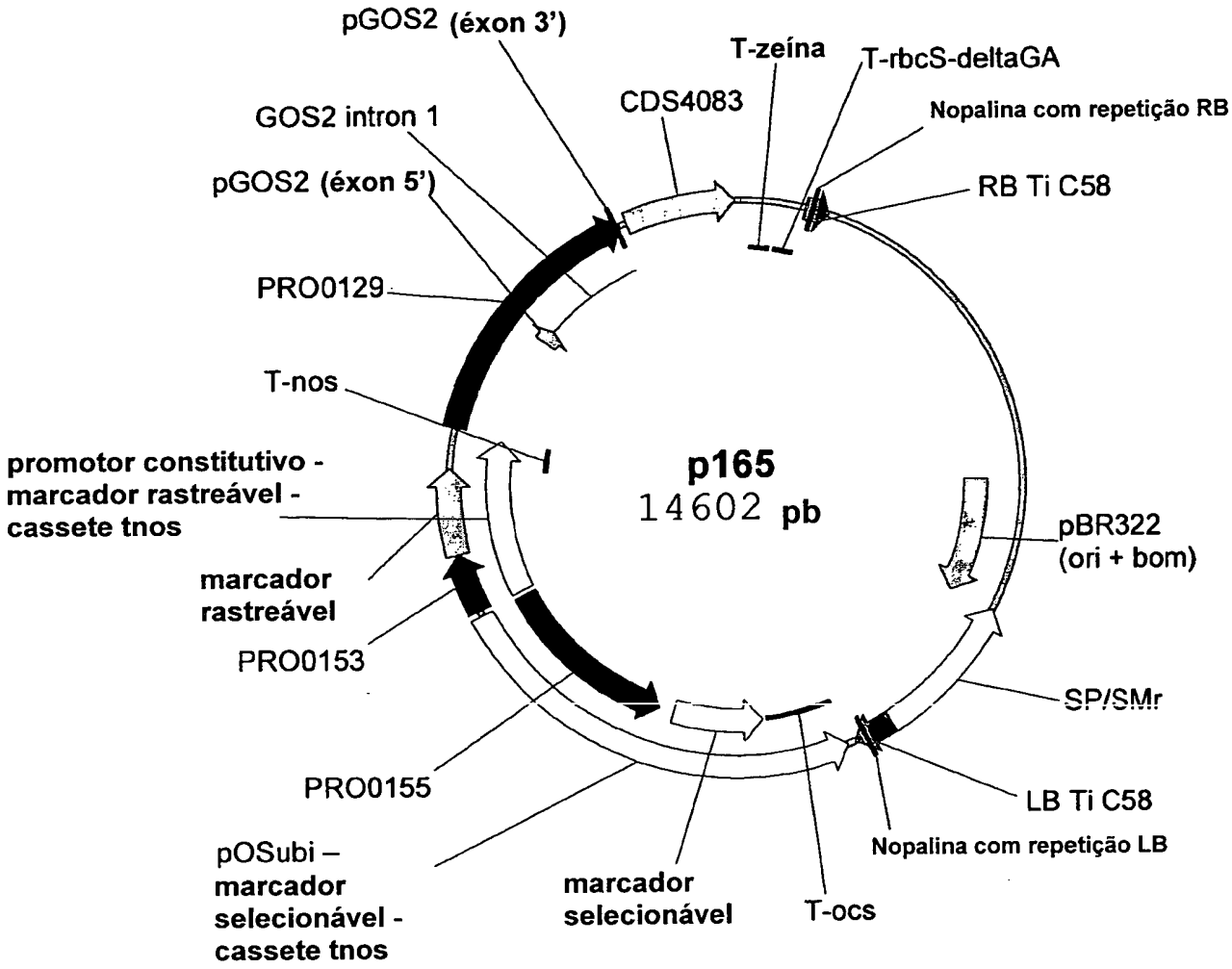

pGOS2 (éxon 3')
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
CDS4083
Nopalina com repetição RB
GOS2 intron 1
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
PRO0129
T-nos
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
p165
14602 pb
pBR322 (ori + bom)
marcador rastreável
PRO0153
SP/SMr
PRO0155
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
marcador selecionável
T-ocs

FIGURA 11

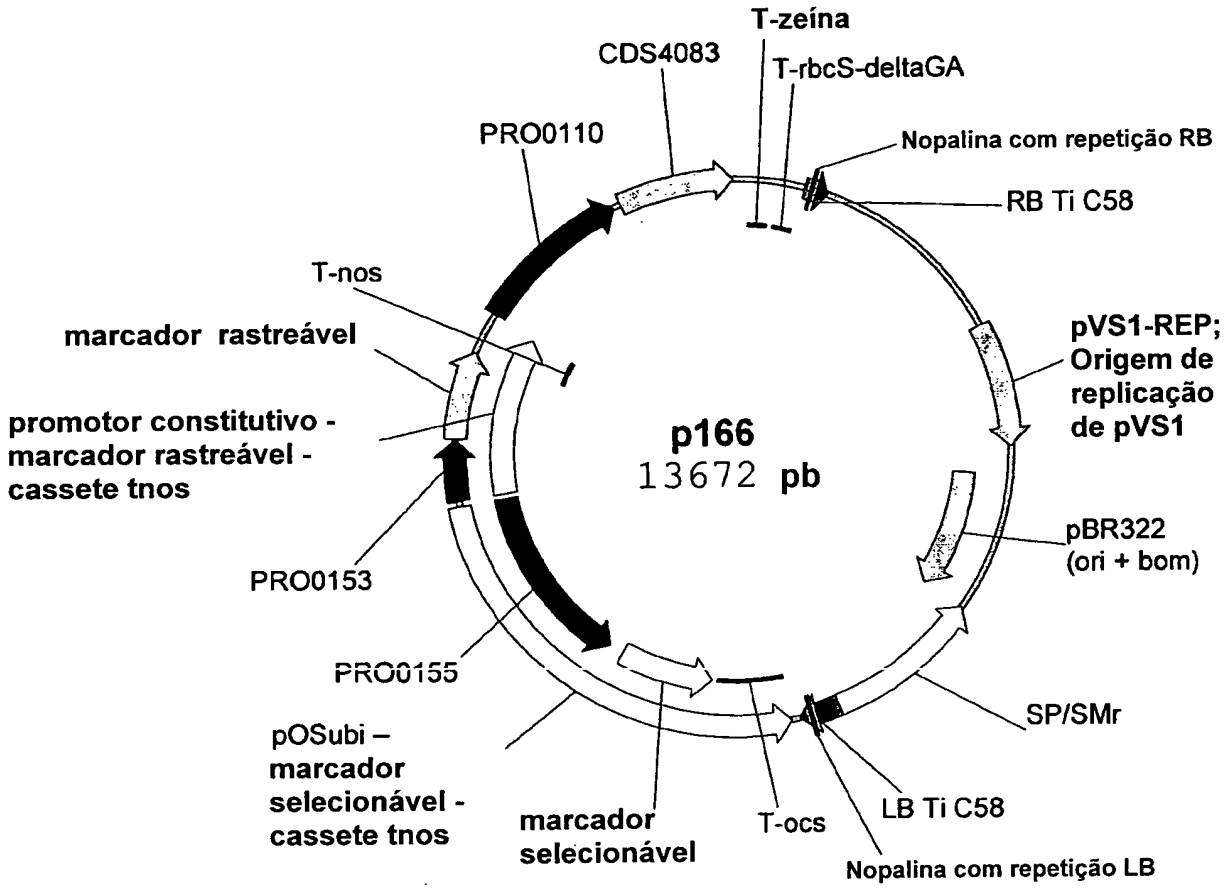

T-zeína
CDS4083
T-rbcS-deltaGA
PRO0110
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
T-nos
marcador rastreável
pVS1-REP;
Origem de
replicação
de pVS1
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
p166
13672 pb
pBR322
(ori + bom)
PRO0153
PRO0155
SP/SMr
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB

FIGURA 12

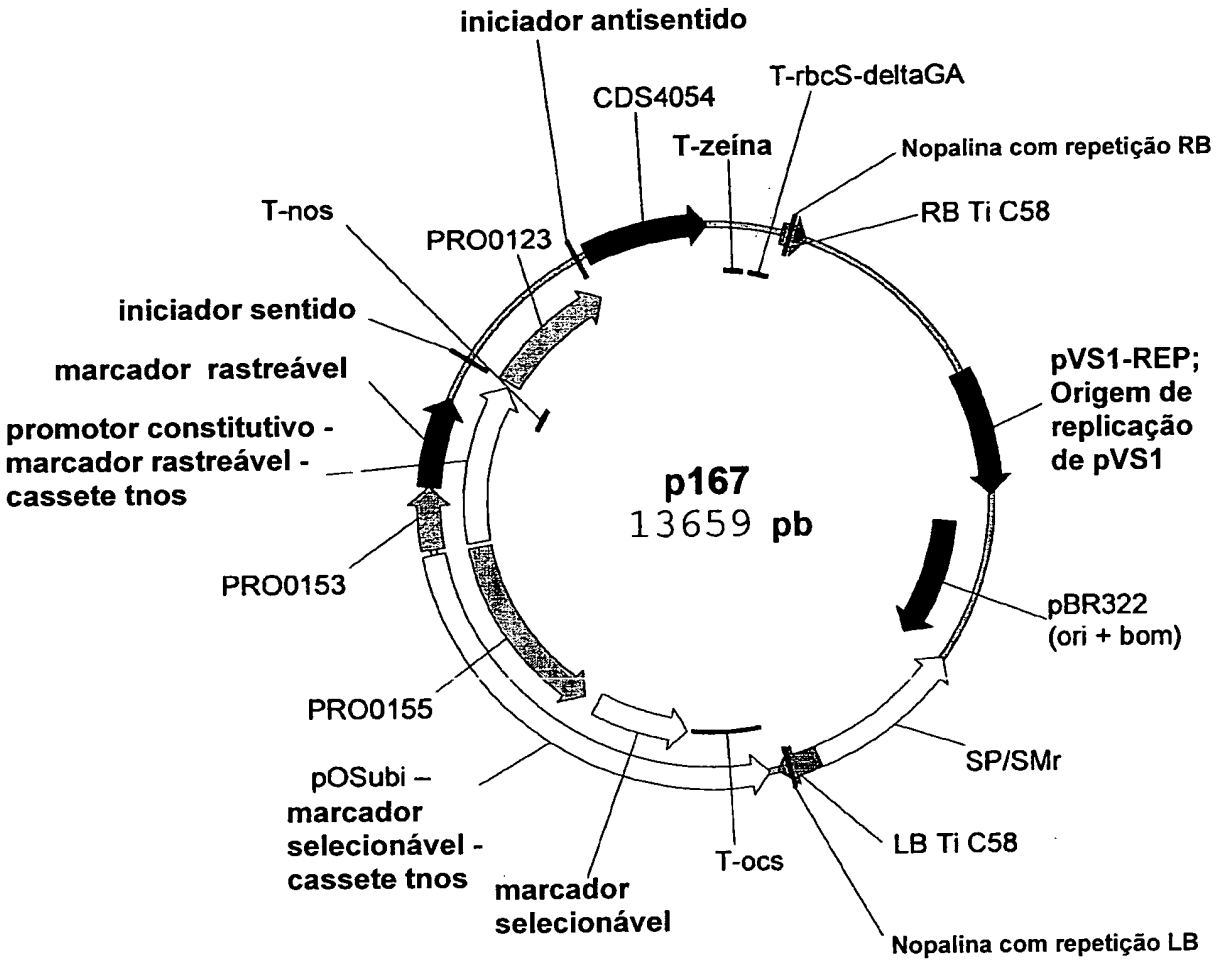

iniciador antisentido
CDS4054
T-rbcS-deltaGA
T-zeína
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
T-nos
PRO0123
iniciador sentido
marcador rastreável
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
pVS1-REP; Origem de replicação de pVS1
p167
13659 pb
PRO0153
pBR322 (ori + bom)
PRO0155
SP/SMr
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
LB Ti C58
T-ocs
marcador selecionável
Nopalina com repetição LB

FIGURA 13

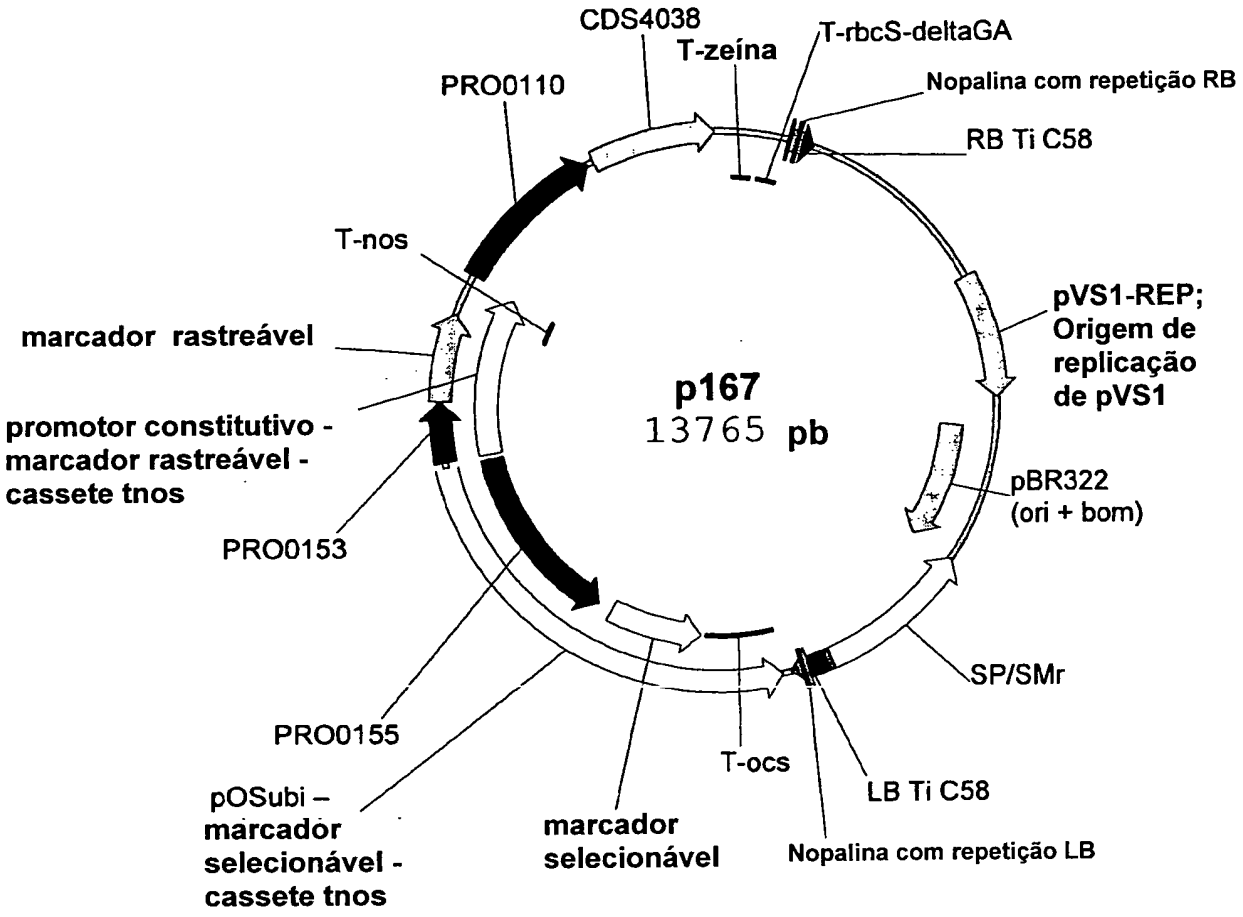

CDS4038
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
PRO0110
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
T-nos
pVS1-REP;
Origem de
replicação
de pVS1
marcador rastreável
p167
13765 pb
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
pBR322
(ori + bom)
PRO0153
SP/SMr
PRO0155
T-ocs
LB Ti C58
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
Nopalina com repetição LB

FIGURA 14

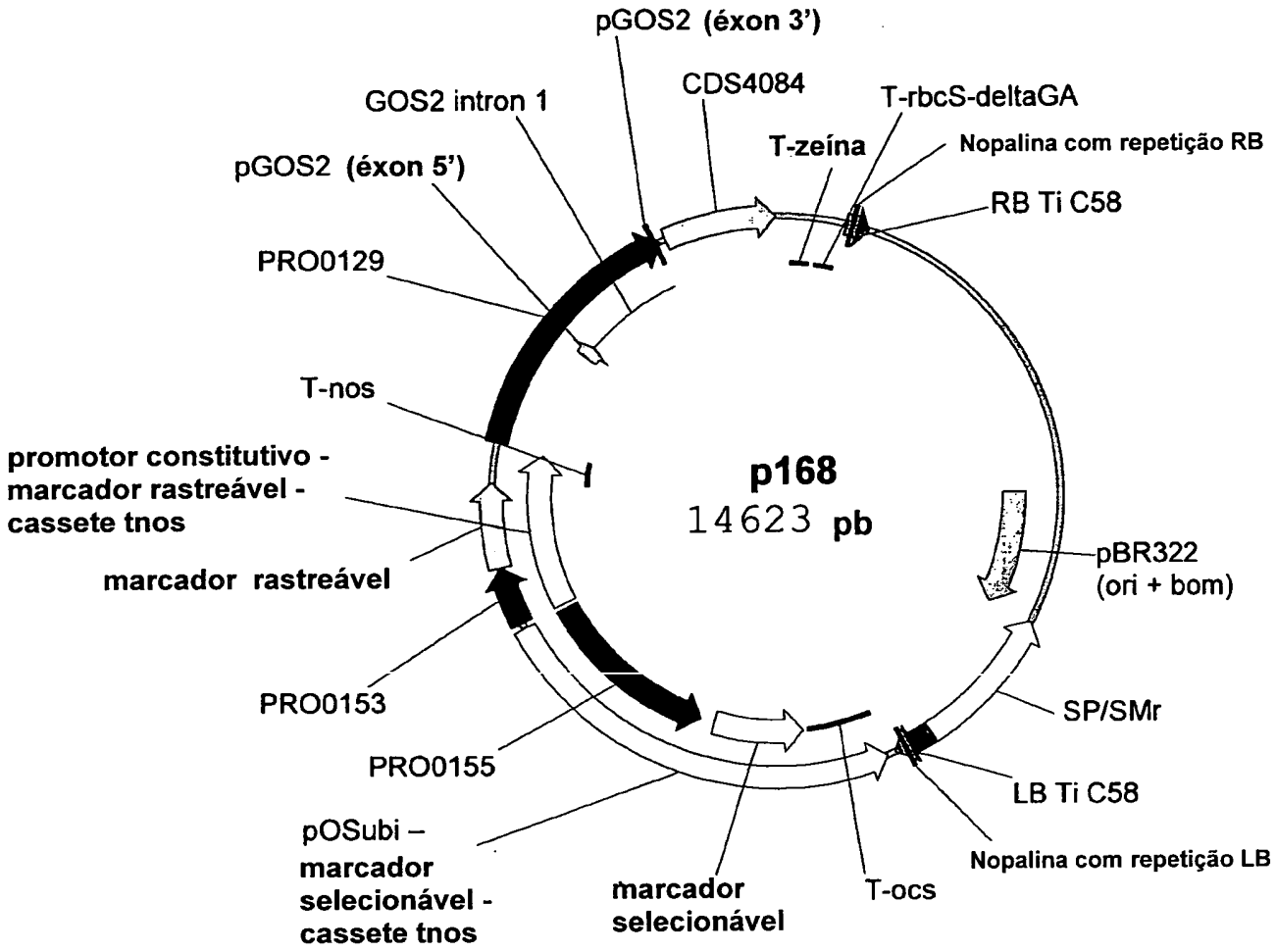

pGOS2 (éxon 3')
CDS4084
T-rbcS-deltaGA
GOS2 intron 1
T-zeína
Nopalina com repetição RB
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
PRO0129
T-nos
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
p168
14623 pb
pBR322
(ori + bom)
marcador rastreável
PRO0153
SP/SMr
PRO0155
LB Ti C58
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs
Nopalina com repetição LB

FIGURA 15

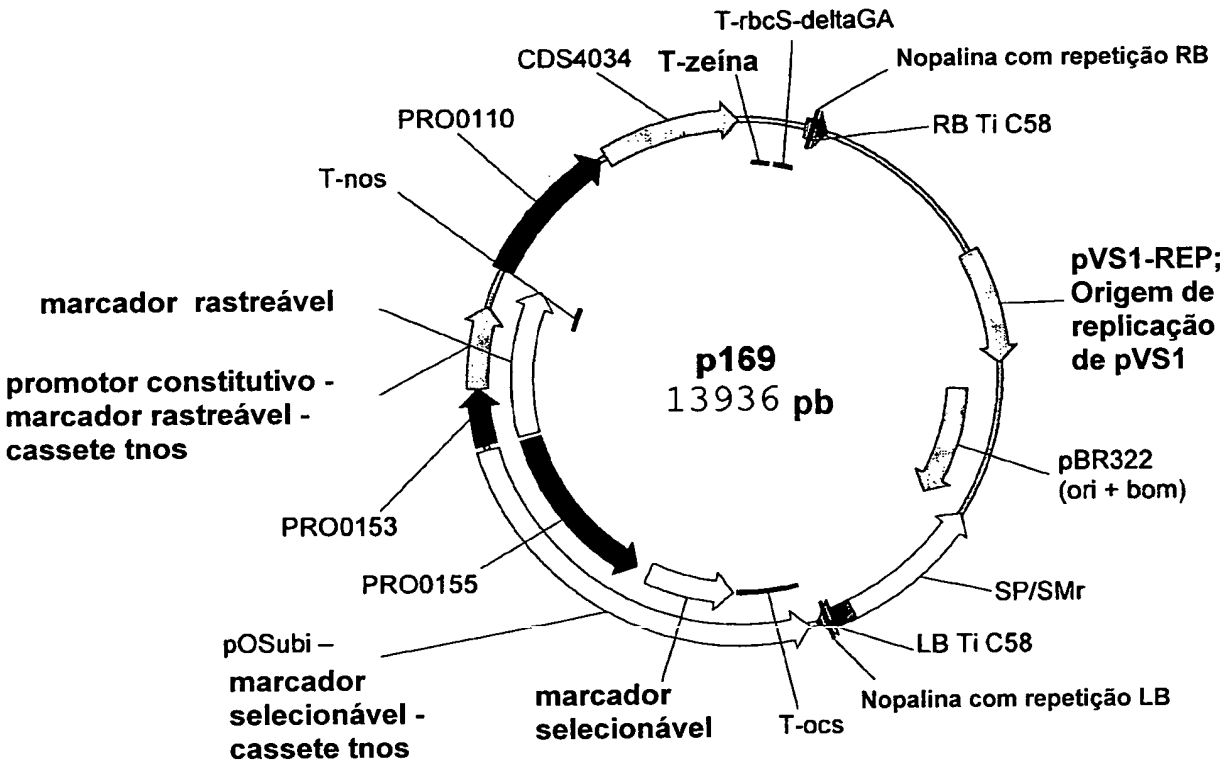

T-rbcS-deltaGA
CDS4034
T-zeína
Nopalina com repetição RB
PRO0110
RB Ti C58
T-nos
pVS1-REP;
Origem de
replicação
de pVS1
marcador rastreável
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
p169
13936 pb
pBR322
(ori + bom)
PRO0153
PRO0155
SP/SMr
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB

FIGURA 16

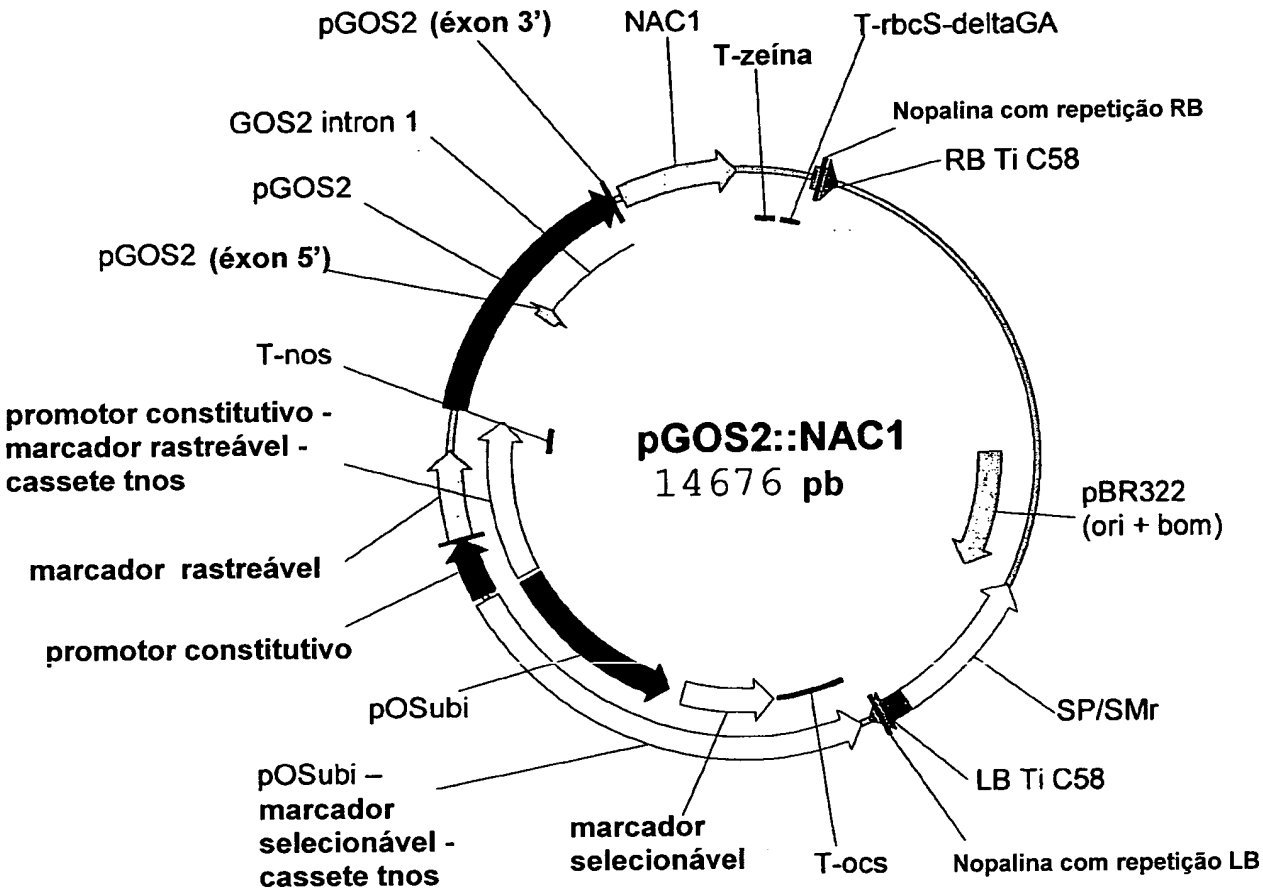

pGOS2 (éxon 3')
NAC1
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
GOS2 intron 1
pGOS2
pGOS2 (éxon 5')
T-nos
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
marcador rastreável
promotor constitutivo
pOSubi
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
marcador selecionável
T-ocs
Nopalina com repetição LB
LB Ti C58
SP/SMr
pBR322 (ori + bom)
pGOS2::NAC1
14676 pb

FIGURA 17

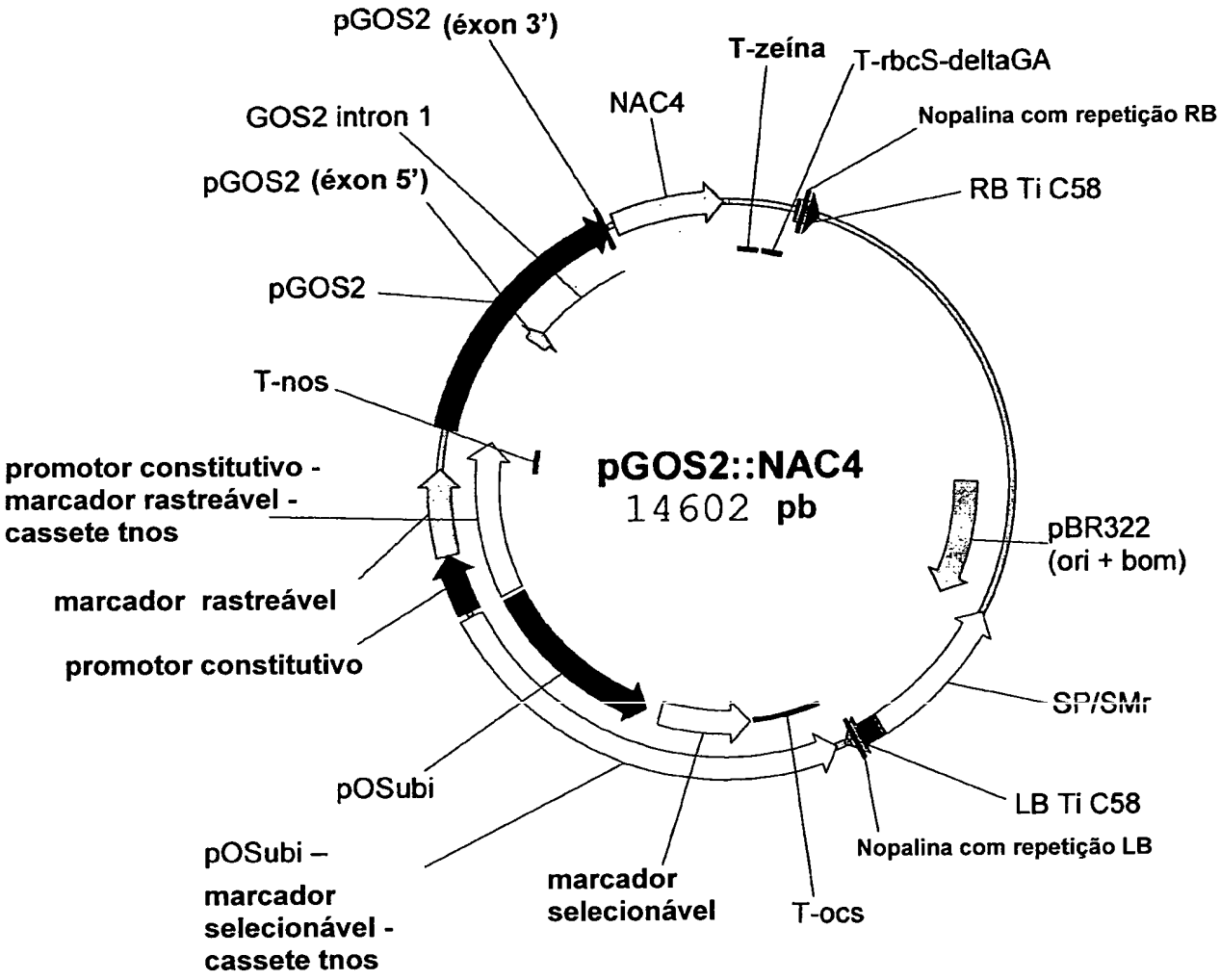

pGOS2 (éxon 3')
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
NAC4
GOS2 intron 1
Nopalina com repetição RB
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
pGOS2
T-nos
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
pGOS2::NAC4
14602 pb
pBR322
(ori + bom)
marcador rastreável
promotor constitutivo
SP/SMr
pOSubi
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs

FIGURA 18

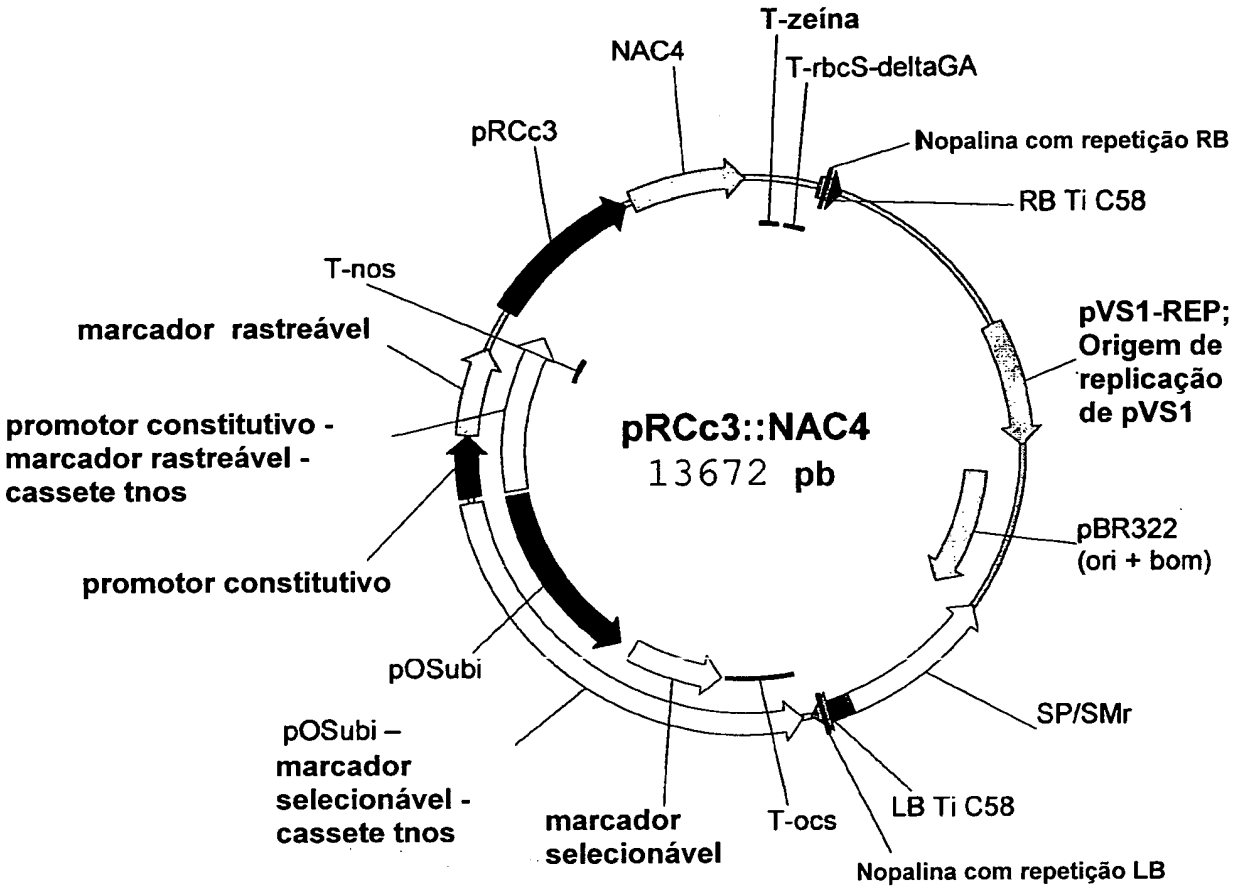

T-zeína
NAC4
T-rbcS-deltaGA
pRCc3
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
T-nos
marcador rastreável
pVS1-REP;
Origem de
replicação
de pVS1
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
pRCc3::NAC4
13672 pb
pBR322
(ori + bom)
promotor constitutivo
pOSubi
SP/SMr
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB

FIGURA 19

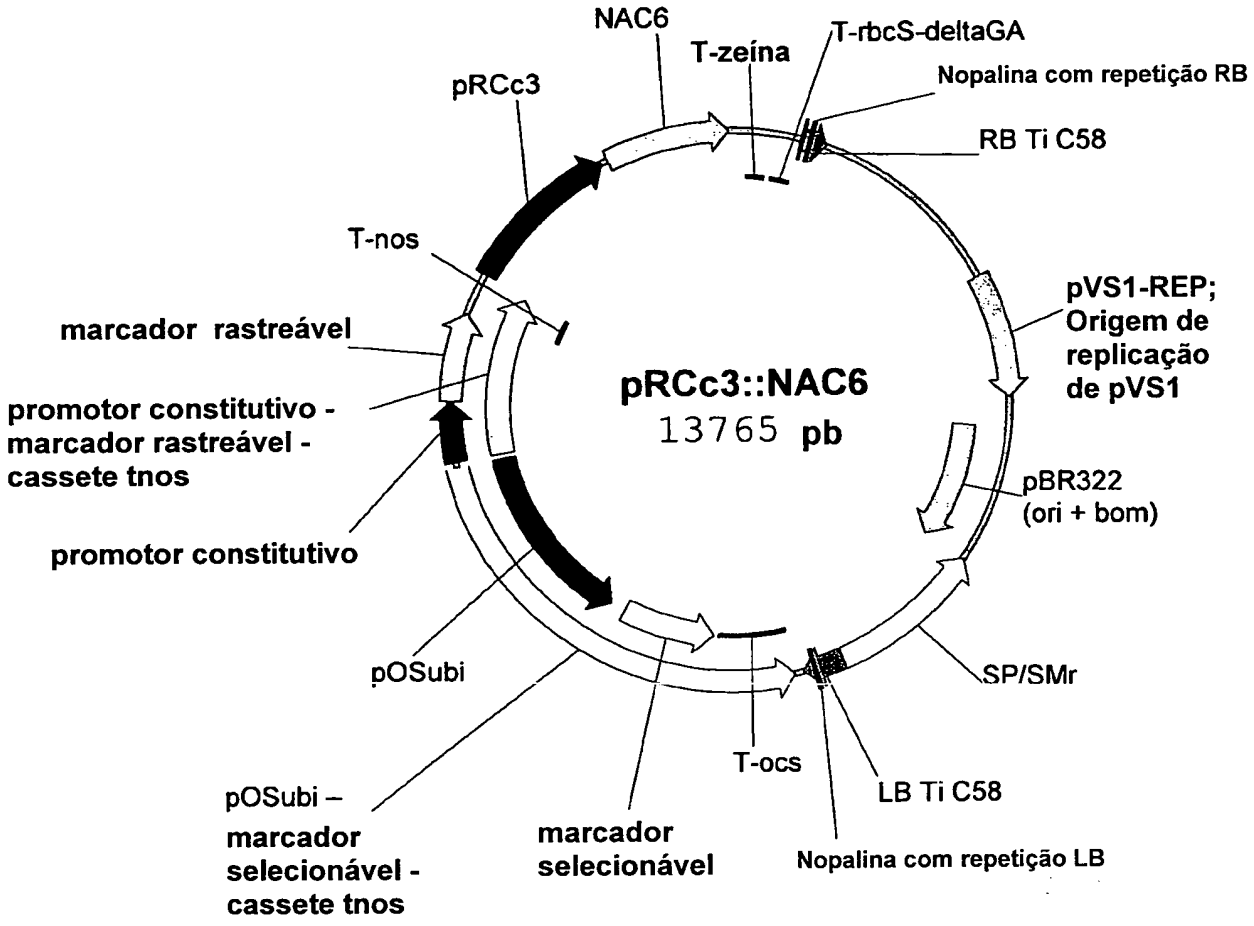

NAC6
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
pRCc3
T-nos
marcador rastreável
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
promotor constitutivo
pRCc3::NAC6
13765 pb
pVS1-REP; Origem de replicação de pVS1
pBR322 (ori + bom)
SP/SMr
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB
T-ocs
marcador selecionável
pOSubi
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos

FIGURA 20

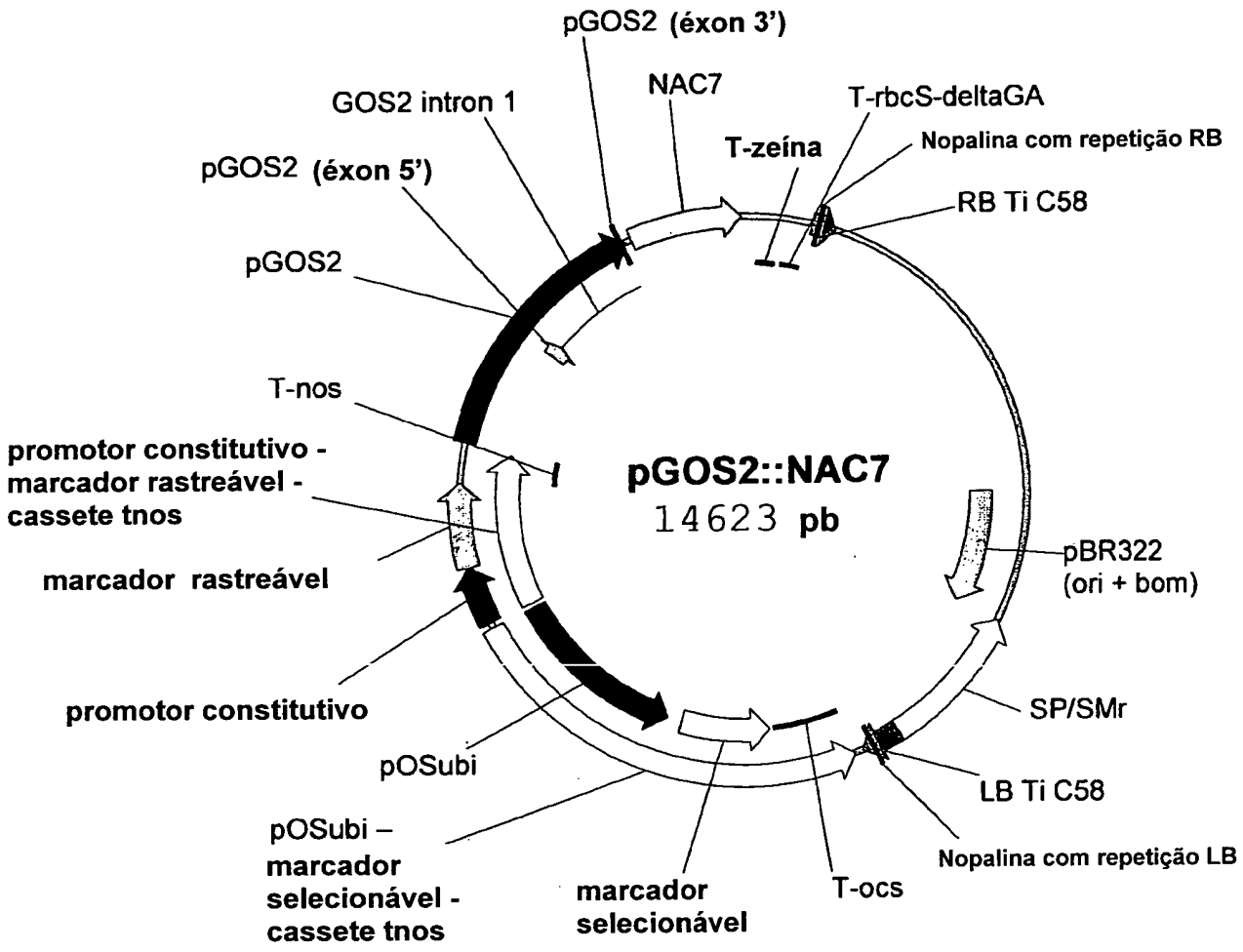

pGOS2 (éxon 3')
NAC7
GOS2 intron 1
T-rbcS-deltaGA
T-zeína
Nopalina com repetição RB
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
pGOS2
T-nos
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
pGOS2::NAC7
14623 pb
marcador rastreável
pBR322 (ori + bom)
promotor constitutivo
SP/SMr
pOSubi
LB Ti C58
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
Nopalina com repetição LB
marcador selecionável
T-ocs

FIGURA 21

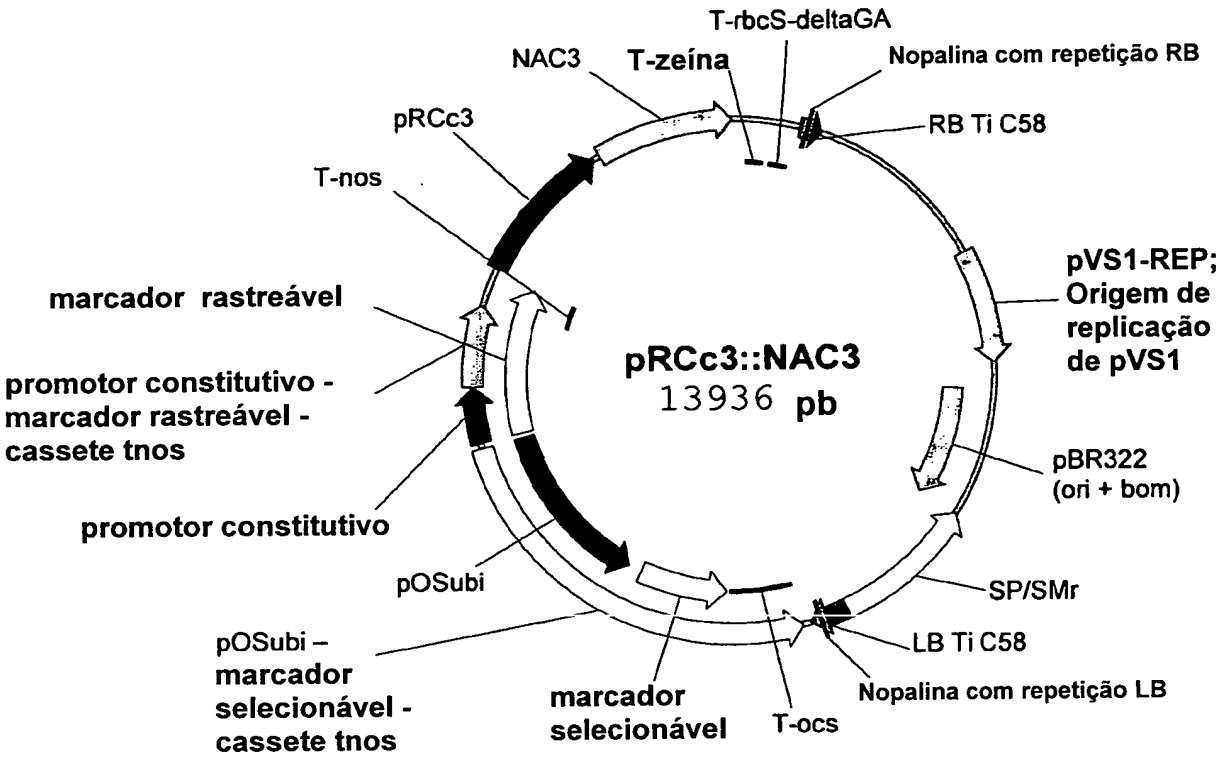

T-rbcS-deltaGA
NAC3
T-zeína
Nopalina com repetição RB
pRCc3
RB Ti C58
T-nos
pVS1-REP;
Origem de
replicação
de pVS1
marcador rastreável
pRCc3::NAC3
13936 pb
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
pBR322
(ori + bom)
promotor constitutivo
pOSubi
SP/SMr
LB Ti C58
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
marcador
selecionável
T-ocs
Nopalina com repetição LB

FIGURA 22

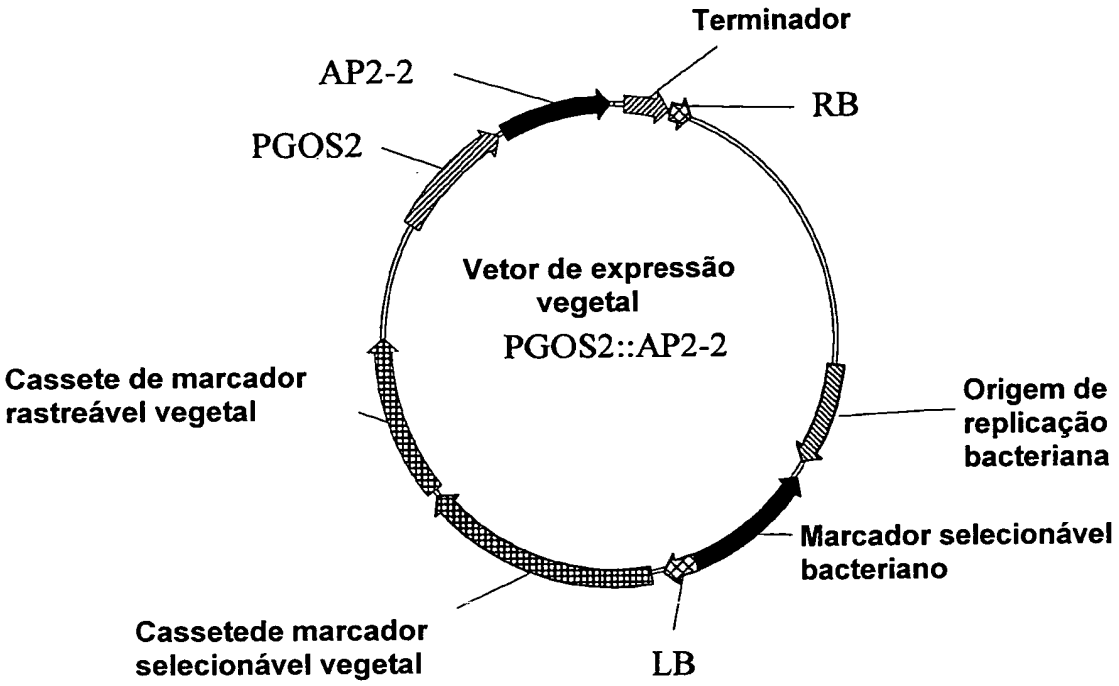

Terminador
AP2-2
RB
PGOS2
Vetor de expressão vegetal
PGOS2::AP2-2
Cassete de marcador rastreável vegetal
Origem de replicação bacteriana
Marcador selecionável bacteriano
Cassetede marcador selecionável vegetal
LB

FIGURA 23

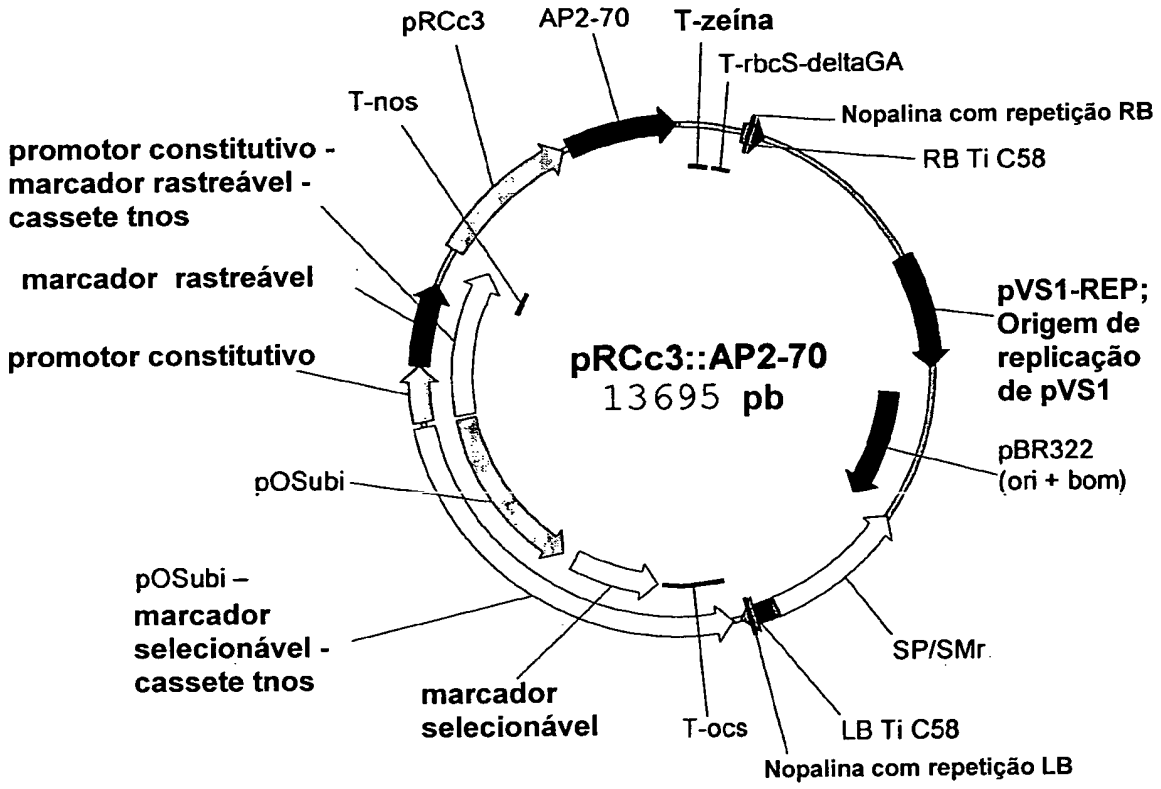

pRCc3
AP2-70
T-zeína
T-rbcS-deltaGA
T-nos
Nopalina com repetição RB
RB Ti C58
promotor constitutivo - marcador rastreável - cassete tnos
marcador rastreável
promotor constitutivo
pRCc3::AP2-70
13695 pb
pVS1-REP; Origem de replicação de pVS1
pBR322 (ori + bom)
pOSubi
pOSubi – marcador selecionável - cassete tnos
marcador selecionável
T-ocs
LB Ti C58
Nopalina com repetição LB
SP/SMr

FIGURA 24

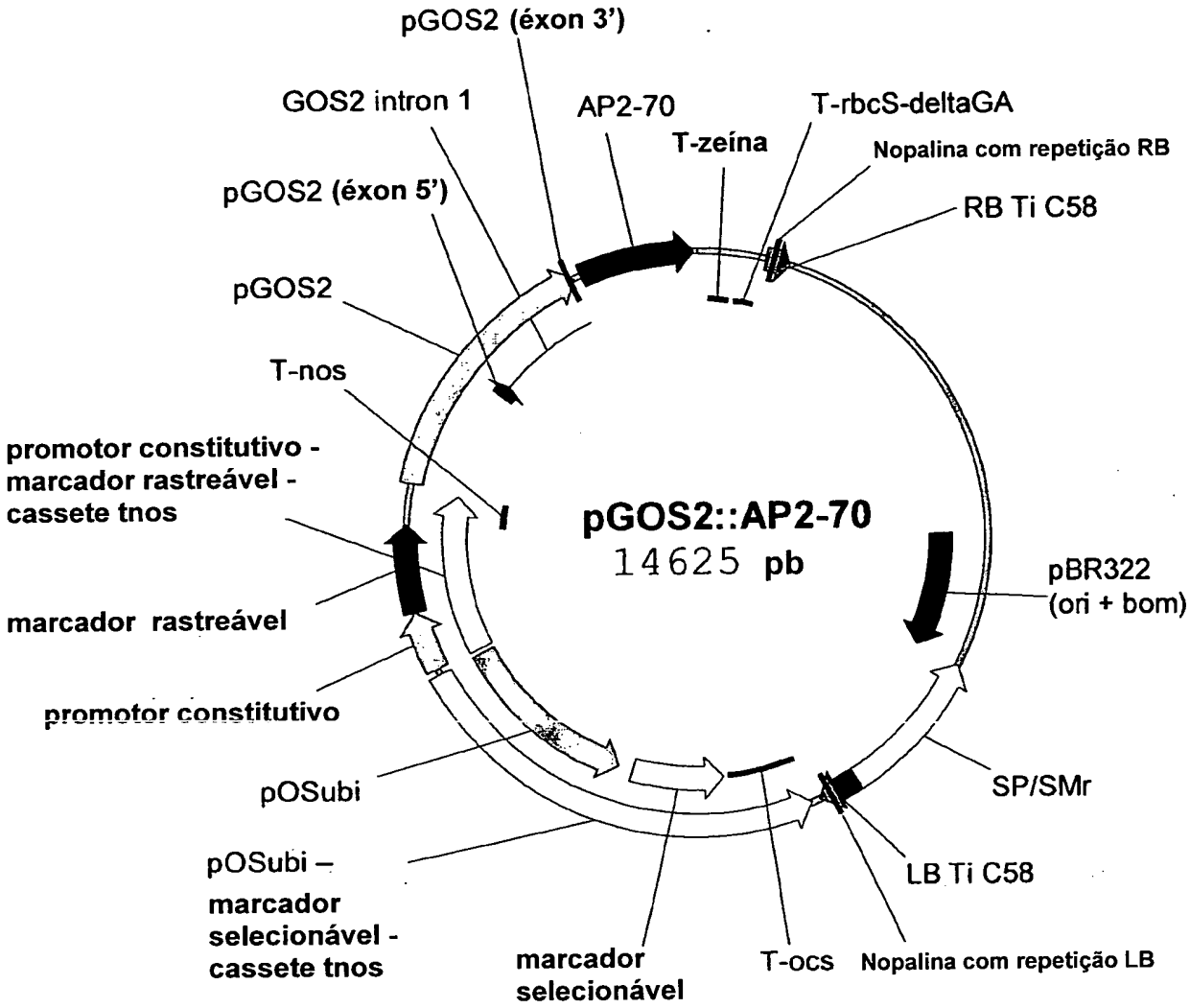

pGOS2 (éxon 3')
GOS2 intron 1
AP2-70
T-rbcS-deltaGA
T-zeína
Nopalina com repetição RB
pGOS2 (éxon 5')
RB Ti C58
pGOS2
T-nos
promotor constitutivo -
marcador rastreável -
cassete tnos
pGOS2::AP2-70
14625 pb
pBR322
(ori + bom)
marcador rastreável
promotor constitutivo
pOSubi
SP/SMr
pOSubi –
marcador
selecionável -
cassete tnos
LB Ti C58
marcador
selecionável
T-ocs
Nopalina com repetição LB

FIGURA 25

SEQ I NO: 1 - XM_479673.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica) mRNA

ATCCAGATGCGCTTGCACTTGCACTTGCATGCAGTTCATTGCTCTAGCTATAGGCTATAGCTACTATA
CACTCATGAGAATCTGAGATTGGGCTGAAAATTGATGAGCATCGATCTGAAGAAGACATATATATAGC
TGATGATGATATAGCTTTTTCTGCATATGCTTGTTTTGATCTGCAGCCAATCGATCGAGGCATAGAGA
GTCACCAGGCAATCAAATTCCAACCATCCATCAGCTAGATATATATACAGCAAAGATCACGATACTCC
TAGCTAGCTAGCTAGAAGAATTGATCGGTCGATCGGAGGAAATAGCAATGGATCGGCATGAGGAGGAG
GCAGGAGAGTCTCCATGTGTGCCGCCGGGGTTCAGGTTTCACCCGACGGAGGAGGAGCTGGTGGGCTA
CTACCTCGCCAGGAAGGTGGCCTCCCAGAAGATCGATCTCGACATCATCCAGGAGCTCGATCTCTACA
GGATCGAGCCATGGGATCTGCAAGAGCGTTGCAAGTACGGTGGGCATGGCGGCGATGAGCAGACGGAG
TGGTACTTCTTCAGCTACAAGGACCGCAAGTACCCCAGCGGGACGAGGACCAACCGCGCCACGGCGGC
GGGCTTCTGGAAGGCCACCGGCCGCGACAAGCCGGTGCTCTCGTCGCCGTCGACGAGGGTGATCGGGA
TGAGGAAGACGCTGGTGTTCTACAAGGGTCGCGCCCCCAACGGCCGGAAGACCGACTGGATCATCCAC
GAGTACCGCCTCCAATCAAACGAACACGCCCCTACTCAGGAGGAAGGTTGGGTGGTTTGCCGCGCGTT
TCAGAAGCCGATGCCCAACCAGCAGCAGCACAGGCTGTCCTACGGCTGCATCCCCGGCAGCTACGGCG
CCGGAGCCTACGCCGCCGTCCCCGACAACTACAGCTTGCTGCTGCACCACGACAACCCTAGCTTCGCC
GGGCGGCCATTGATGAGCGCCGCTGCCTCAGCTCTCTTCGCCAACAACAACAATAACAGCGTCGTCGA
CCACAGCAACATTCTGAGTTCAGAGTCCAAGCTTCACTTCTCCGACATGATGCCGCCTCTGGAGAGCC
CCACCATCGTCGACGGCGAGGGCTACGTCTCGCAGGCTAGCAGCTGCGTCGACGTCGATCAGCAAGCC
GGCATCGTCGACTGGAACCTGCTCACCAGCTTGCTGCCGCCGCCGGCGCATCAGCTCTTCCACCACCT
GCCTTCCGCTTCTAGCTCCAAGAACAGCAACAACATTTCTTCGTCAGGCTTCATCGATGACCGAGACT
GATCGATCGATCCAGATCGATTATTATCAATTGACAATTCATTCATCATATATATGCATGAATTCTTA
CAAATACGCACAATTAAACGATCGAGTGTACTATTAATTAGTTGATTACTCCGTCTCCATGATGTATA
CATTAATTTGACCACTGGCCATCATCAGGCCATCTGCATGCTTACTATCTAGCTTATGTCAGTACACG
GTTGTTAGTTCATTCTTAATTAATTAGCTACTAGTGTCAGTGTGTGTATCTATCGGTTGTTCGTCTTT
TGACCTCATTGCTGAGAGAGGTTTGTAACTGATGATGATTAAGTTAGCTAGCATTTAATTAGGTGCTA
TATATACACATATATATGCACTATCACTATATACATCATATATATGTATACATATATCGTTGTCTGCT
TAATGTGTACACCACCTCTCTGCAGTATATATAGTATTGATCAATTAATTTGT

SEQ ID NO: 2 - CDS4054 NAM2

MDRHEEEAGESPCVPPGFRFHPTEEELVGYYLARKVASQKIDLDIIQELDLYRIEPWDLQERCKYGGH
GGDEQTEWYFFSYKDRKYPSGTRTNRATAAGFWKATGRDKPVLSSPSTRVIGMRKTLVFYKGRAPNGR
KTDWIIHEYRLQSNEHAPTQEEGWVVCRAFQKPMPNQQQHRLSYGCIPGSYGAGAYAAVPDNYSLLLH
HDNPSFAGRPLMSAAASALFANNNNNSVVDHSNILSSESKLHFSDMMPPLESPTIVDGEGYVSQASSC
VDVDQQAGIVDWNLLTSLLPPPAHQLFHHLPSASSSKNSNNISSSGFIDDRD

FIGURA 26

SEQ ID NO: 3 - AK106313.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica)

AATTTGCTTCTCATCTTTCTTCTCTACTCCTCTCAAATACAAGAGCTCACACTGCTCCCTAGCTTCCT
TCTTCATCCCTTGAACTAGTTGTCAGCTACTGACCAGCCTGAAGATAGATGCTAGTTTGTGTAGAGAA
TTCGATCTTCTGAGGCGTATGGTGATCATGGAGTCATGTGTGCCTCCTGGGTTTAGGTTCCACCCCAC
CGACGAGGAGCTCGTCGGCTACTACCTCCGGAAGAAGGTGGCCTCGCAGAAGATCGACCTCGACGTCA
TCCGCGACGTCGACCTCTACCGCATCGAGCCATGGGATCTCCAAGAGCATTGCAGGATAGGGTACGAG
GAGCAGAGCGAGTGGTACTTCTTCAGCTACAAGGACAGGAAGTACCCGACGGGGACGAGGACGAACAG
GGCGACGATGACGGGGTTCTGGAAGGCGACGGGGAGGGACAAGGCGGTGCGTGAGAGGAGCAGGCTCA
TCGGGATGAGGAAGACGCTCGTCTTCTACAAGGGCAGGGCACCCAACGGCCACAAGACCGACTGGATT
GTCCACGAGTACCGCCTCGAGTCCGACGAGAACGCCCCGCCTCAGGAAGAAGGCTGGGTGGTGTGCCG
CGCGTTCAAGAAGCGAACCATGCAGCCGCCGCGGAGCTCCATCGGAGCATGGGAGGCGAGCTACTCCT
ACCACGACCCCGCCGTCTTCGTCGGCGGCGGGGAACACTTCAAGCAAGAGGCCGCGGCCGAGCTGGAC
GGCGTCGCCGCCGCCGCCGGAGCTAACGCCTTCCTGCGGTACTCCACCCGCCTGGCCGAGCTCCCGCA
GCTGGAGAGCCCGCCGCTGCCAAGCCAGGGGAGCCAGGCGGCCTCGGCCGTCGTCGACGGCGAGGAAG
ATAACGCCGATTCTAGCAGGCGCCCTGGCGGCGGCGGCGGCGCCGCCGCCGCGGTGACCACGGACTGG
AGGGCGTTCGACAAGTTCGTCGCGTCCCAGCTCAGCCCCGAGGAGCAGCACACCTGCCGGGCCACCGA
CGACGACGACATGGCAGCGCTGCTGCTCCTCGACGGCGGCGGGCAGGAGGACGACGCCGGGAGGTGGC
TGGGCTCCGCCGGGTTGCTGAGCGCCGTGGCGGCCGACGCGACGACGGACTGCGGCCTCGGCACCAGC
TGCGTGCCTGGCGACATCAACTGATTCAGGGCCAAGCCGATCGAGCTCTCACTTCTCCTTAGCATAAA
GTGTGAGATATCTACGAATTGTATGGATGGCTATATATACGTACGCCTATACATATGTAGCTGGTCAA
AGCATCGTTTCAGTTTCAGTTTCAGTTCTTGGAAGTCAATGGATGTTGACCATT

SEQ ID NO: 4 - 11980.m06650 proteína sem meristema apical , AK106313

MVIMESCVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKVASQKIDLDVIRDVDLYRIEPWDLQEHCRIGYEEQSEWY
FFSYKDRKYPTGTRTNRATMTGFWKATGRDKAVRERSRLIGMRKTLVFYKGRAPNGHKTDWIVHEYRL
ESDENAPPQEEGWVVCRAFKKRTMQPPRSSIGAWEASYSYHDPAVFVGGGEHFKQEAAAELDGVAAAA
GANAFLRYSTRLAELPQLESPPLPSQGSQAASAVVDGEEDNADSSRRPGGGGGAAAAVTTDWRAFDKF
VASQLSPEEQHTCRATDDDDMAALLLLDGGGQEDDAGRWLGSAGLLSAVAADATTDCGLGTSCVPGDI
N

SEQ ID NO: 5 - NM_187584.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica)

ATGGAATCATGCGTCCCTCCTGGGTTCAGGTTCCACCCCACCGACGAGGAGCTCGTCGGCTACTACCT
CCGCAAGAAGGTCGCCTCCCAGAAGATCGACCTCGACGTCATCCGCGACATCGATCTCTACCGCATCG
AACCCTGGGATCTCCAAGAACATTGTGGGATCGGGTACGATGAGCAAAGCGAGTGGTACTTCTTCAGC
TACAAGGACAGGAAGTACCCGACGGGGACGAGGACGAACAGGGCGACAATGGCGGGGTTCTGGAAGGC
GACGGGGAGGGACAAGGCGGTGCACGACAAGAGCAGGCTCATCGGCATGAGGAAGACACTCGTCTTCT
ATAAGGGCAGGGCGCCTAATGGCCAGAAGACCGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGAGACCGAC
GAGAACGCGCCGCCACAGGAAGAAGG

FIGURA 26 (Cont.)

ATGGGTGGTGTGCCGAGCATTCAAGAAGAGGACGGCGTATCCGGCGAGGAGCATGGTGGAGACGTGGG
ACTACTCCTTGCACGAGCGCAACATCATGAGCGCCGCGGCGGCGGCGGCGTTCGCCGATCCGAGCGCG
GCGTACGCGCAGATGAGGCGGCAGCACAGGAGCGGGCGGTTCAAGCAGGAGGCGGAGCTGGACGGCGC
CGCCACAGCCCTCCTCCACTACTCCAGCCACCTCGCCGAGCTGCCGCAGCTCGAGAGCCCCTCCGCGG
CTGCGGCGCCGCTCCAGCCCAACCCGAGCCAGCTGGCCACCGCCGGCGAGGACGACGACTGCAAGGGC
GATAATGGCGGTAGGAGGGCCAAGAAAGCCCGCGCCGCCGGCGACAAGGTGGCGACGACCACGGACTG
GAGAGCGCTCGACAAGTTCGTCGCGTCGCAGCTTAGCCCCGGGGAGTGTGGCAGCATGGAGGCAACGG
CGGAAGCCGCGGCGGCGGCAGTCGCCGGTGTGAGCTCGCCGCTGGACCACGGCGATGACGACATGGCA
GCATTGCTGTTTCTCAACAGCGACGAGAGAGACGAGGTCGACAGGTGGACGGGGTTGCTCGGCTCCGG
CGCCGGCGCGAGCGGCGTCGACGGCGACCTCGGAATCTGTGTGTTTGACAAATGA

SEQ ID NO: 6 - 11973.m05887 proteína sem meristema apical **, NM_187584**

MESCVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKVASQKIDLDVIRDIDLYRIEPWDLQEHCGIGYDEQSEWYFFS
YKDRKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKAVHDKSRLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKTDWIMHEYRLETD
ENAPPQEEGWVVCRAFKKRTAYPARSMVETWDYSLHERNIMSAAAAAAFADPSAAYAQMRRQHRSGRF
KQEAELDGAATALLHYSSHLAELPQLESPSAAAAPLQPNPSQLATAGEDDDCKGDNGGRRAKKARAAG
DKVATTTDWRALDKFVASQLSPGECGSMEATAEAAAAAVAGVSSPLDHGDDDMAALLFLNSDERDEVD
RWTGLLGSGAGASGVDGDLGICVFDK

SEQ ID NO: 7 - XM_467007.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica) , mRNA

ATGGACACTTTCTCCCATGTGCCACCTGGTTTCCGCTTTCACCCTACTGACGAGGAGCTCGTCGATTA
CTACCTGAGGAAGAAGGTGGCATCGAAGAAAATCGACCTCGACGTTATAAAAGACGTCGACCTGTACA
AAATCGAGCCCTGGGATCTCCAAGAGAAGTGCAAGATTGGCATGGAAGAACAGAATGACTGGTACTTC
TTCAGCCACAAAGACAAAAAGTACCCGACGGGCACCCGCACCAACCGGGCCACGGGCGCCGGCTTCTG
GAAGGCGACGGGGAGGGACAAGCCCATCTACGCCCGCAGCTGCCTCGTCGGGATGAGGAAGACACTCG
TCTTCTACAAGGGCCGTGCCCCCAATGGCCAGAAGTCGGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGAG
ACCAACGAAAACGGCACCACACCTGAGGAAGGATGGGTGGTCTGCCGGGTGTTCAAGAAGCGGGTGGC
GACGGTGCGGAGAATGGCCGACGGATCACCGTGCTGGTTCGATGACCACGGCGCCGTCGGTGCGTTCA
TGCCGGACCTCAGCTCGCCGAGGCAGCTACTGCCGCACCACCACCACCACCACCCGGGCTCGTCGGCG
GCGCTGTACCACGGCCACCACCACCAGCAGCTGCAGCAGATGTACGGTCACTGCAAGCCGGAGCTGGA
GTACCACCACCTCCTGCCGCAGGAGGCCTTCCTGCAGCATCTTCCTCAGCTGGAGAGCCCCAAGCCGC
CGCCGCCGCCTCCTGCGGCGGCGGCCTACATTGGCGGCCACCTCGGATCGTCGTCGTCCACCGCCCTT
ACTACTCACGACGACGAAGCCTCCGGCTCCGCCGCGCAGCAGCAGCCGCCGTCGTTGGAGGCTGTTTA
CATGGCCGGCGCCGGCGTCGGCATCGGCGTCGACGCGTCGGTGACGGACTGGAGGCTACTGGACAAGT
TCGTCGCGTCTCAGCTGCTCAGCAAGGAGTCCATGTCCAGCTACGGATCCCATCCGGCTCAGGTGTTT
CAGGCTGCAGACGGTGGCAAGCATGAAGAGGCTTTGGACTACGCTTCGACGTCGGCCGGCTCCGGCGG
CGGCGAGGCTGATCTGTGGAAATAG

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 8 - 11972.m09332 proteína sem meristema apical XM_467007

MDTFSHVPPGFRFHPTDEELVDYYLRKKVASKKIDLDVIKDVDLYKIEPWDLQEKCKIGMEEQNDWYF
FSHKDKKYPTGTRTNRATGAGFWKATGRDKPIYARSCLVGMRKTLVFYKGRAPNGQKSDWIMHEYRLE
TNENGTTPEEGWVVCRVFKKRVATVRRMADGSPCWFDDHGAVGAFMPDLSSPRQLLPHHHHHHPGSSA
ALYHGHHHQQLQQMYGHCKPELEYHHLLPQEAFLQHLPQLESPKPPPPPPAAAAYIGGHLGSSSSTAL
TTHDDEASGSAAQQQPPSLEAVYMAGAGVGIGVDASVTDWRLLDKFVASQLLSKESMSSYGSHPAQVF
QAADGGKHEEALDYASTSAGSGGGEADLWK

SEQ ID NO: 9 - XM_473322.1 Oryza sativa (cultivar-grupo japonica) , predicted mRNA

ATGGAAGTGGAAGCAAGGATACACCTCCTGTTGATCAAGCTAGTCTTCTATAGGAGTGCAGAAGAGCG
AGAATCAGCCTCTGTTCATATTAACTTGCTACCAGTTCGGGAGCTATACTTTGATCCGCGGAAGAAGA
TGGACGCATTCTCCCATGTCCCGCCAGGTTTTCGTTTCCACCCTACTGACGAGGAACTCGTGGATTAC
TACCTTAGGAAGAAGGTAGCACTGAAGAAGATAGACTTGGACGTCATAAAAGATATTGATCTGTACAA
AATTGAGCCTTGGGACCTACAAGAACAATGCAAGATTGGAAACGAGGAGCAGAACGAGTGGTACTTCT
TCAGCCACAAGGACAAGAAGTACCCGACGGGCACACGCACCAACAGGGCGACCACTGCCGGCTTTTGG
AAGGCCACCGGGAGGGACAAGCCGATCTATGTCAAGAACTGCCTTGTTGGGATGAGGAAGACGTTGGT
TTTCTACAGGGGCCGGGCTCCCAACGGACAGAAGTCGGACTGGATCATGCACGAGTATCGCTTGGAGA
CCAACGAATACGGAGCTCCCCAAGAGGAAGGATGGGTGGTCTGCAGGGTGTTCAAGAAGCGAGTCGCG
GCGGTGCAAAGGGCGGCCGGCGACGGCGGCGACTCACCTTTCTGGTTCAACGAGCACGTCGCGTTCAT
GGCGCCGGCGCCAGGCCTCGACTCGCCGTACCATGGCCACCGCCAGAGCCACCCTTGCAAGCTGGAGG
TAGAGTATCACCACCACCTCCTTCCTCAGGAGGCGGCGCCGTTCATGCACCTCCCAAGGCTGGAGAGC
CCCAAGCTACCGGCCGCCGACATCATTGTCGCCACCGCAGCGTCGTCCGCTCTCCAGCCGTGCGGCCA
CACGACGGCGCAGCAGCTGCAGCTGCAGATCGAGCCGGTCTACGTGACGGCCGATGCGTCGGCAGCAG
ATTGGAGGGATCTTGACAAGCTGGTGGCGTCTCAGTTCGGCCACGGCGACTCGACTGCGAAGGAGCCC
AGTTACTGCAATCCGGTGCAGGTGTTTCAGGTCGAGGGGAAGCAGGAGGATAGCTTGGATTACGTGTC
CACGTCTGCCTCCTGCGGAGGGGAGGAGGATTTGTGGAAATAG

SEQ ID NO: 10 - OSJNBb0020O11.1 proteína _id="XP_473322.1"

MEVEARIHLLLIKLVFYRSAEERESASVHINLLPVRELYFDPRKKMDAFSHVPPGFRFHPTDEELVDY
YLRKKVALKKIDLDVIKDIDLYKIEPWDLQEQCKIGNEEQNEWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATTAGFW
KATGRDKPIYVKNCLVGMRKTLVFYRGRAPNGQKSDWIMHEYRLETNEYGAPQEEGWVVCRVFKKRVA
AVQRAAGDGGDSPFWFNEHVAFMAPAPGLDSPYHGHRQSHPCKLEVEYHHHLLPQEAAPFMHLPRLES
PKLPAADIIVATAASSALQPCGHTTAQQLQLQIEPVYVTADASAADWRDLDKLVASQFGHGDSTAKEP
SYCNPVQVFQVEGKQEDSLDYVSTSASCGGEEDLWK

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 11 – Medicago truncatula ABE89364.1clone mth2-70o13

ATGATGGAGTCATGTGTCCCACCTGGATTTCGGTTCCACCCAACGGATGGAGAGCTTGTTGGTTATTA
TCTAAGAAAGAAAGTAGCTTCTCACAAGATTGATCTTGATGTTATCAAAGAGATCGATCTATATCGTA
TTGAACCCTGGGATCTCCAAGAGAGATGTAGAATTGGGAATGAGGAGCAACATGAGTGGTATTTTTTT
AGTCACAAAGATAAGAAATATCCAACAGGGACGAGAACGAATAGAGCTACAATGGCAGGGTTCTGGAA
AGCAACCGGAAGAGATAAGTCGGTGTATGAACGAACAAAACTGATTGGAATGAGGAAGACACTCGTTT
TCTACAAAGGAAGAGCACCTAATGGACAGAAAACTGATTGGATCATGCATGAATATAGGCTTGAAACA
GTTGAAAATGCACCTCCACAGGCAAGTGAAGAAGGTTGGGTTGTGTGCAAAGCATTCAAGAAAAAAAC
AAGTGTCCAAGCAAAAACAAATGAAAGATGGGATCCAAGCCACTTACATGATGAACAAACAAGTAGCA
TCATCTCAAGGGTGGACCCTATTGACCTCATCTTAAGACAACCACAGAGGATTTCAGCTCAAAATTTC
ATGTACAAACAAGAGATAGAAGCAGAAGCAGATACCTTATTAAGGTTCATGCATTCAGAACAATTGGT
ACCTCTTCCTCAACTACAAAGTCCCTCTTTAACAAAGAGGCAAAACTCAATGCCAATAATATCAGAGA
AAGTGACTGATTGGAGGGATCTTGACAAGTTTGTGGCTTCTCAGTTGAGTCAAGAAGATCATAGGCAT
GAAACAAGCTCAGACATGTCATTGTTCCTACTTCAGAGTAGTAAGGATGATGAAGAGAACAAGTTAAG
CTCATTTTTAACTACAAGGTCAGATTGTGACATTGGAATATGTGTATTTGAAAATTAA

SEQ ID NO: 12 - medicagoABE89364.1| proteína sem meristema apical (NAM)

proteína [Medicago truncatula]

MMESCVPPGFRFHPTDGELVGYYLRKKVASHKIDLDVIKEIDLYRIEPWDLQERCRIGNEEQHEWYFF
SHKDKKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKSVYERTKLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKTDWIMHEYRLET
VENAPPQASEEGWVVCKAFKKKTSVQAKTNERWDPSHLHDEQTSSIISRVDPIDLILRQPQRISAQNF
MYKQEIEAEADTLLRFMHSEQLVPLPQLQSPSLTKRQNSMPIISEKVTDWRDLDKFVASQLSQEDHRH
ETSSDMSLFLLQSSKDDEENKLSSFLTTRSDCDIGICVFEN

SEQ ID NO: 13 - NM_101098.2 Arabidopsis thaliana ANAC007/EMB2749; (ANAC007/EMB2749)

ATGAATTCATTTTCCCACGTCCCTCCGGGTTTTAGATTTCACCCGACAGATGAAGAACTTGTAGACTA
CTACCTGAGGAAAAAAGTCGCATCGAAGAGAATAGAAATTGATTTCATAAAGGACATTGATCTTTACA
AGATTGAGCCATGGGACCTTCAAGAGTTGTGCAAAATTGGGCATGAAGAGCAGAGTGATTGGTACTTC
TTTAGCCATAAAGACAAGAAGTATCCCACAGGGACTCGAACCAATAGAGCAACAAAAGCAGGGTTTTG
GAAAGCCACCGGAAGAGATAAGGCTATCTATTTGAGGCATAGTCTAATTGGCATGAGGAAAACACTTG
TGTTTTACAAGGGAAGAGCCCCAAATGGACAAAAGTCTGATTGGATCATGCACGAATACCGCTTAGAA
ACCGATGAAAACGGAACTCCTCAGGAAGAAGGATGGGTTGTGTGTAGGGTTTTCAAGAAGAGATTGGC
TGCAGTTAGACGAATGGGAGATTACGACTCATCCCCTTCACATTGGTACGATGATCAACTTTCTTTTA
TGGCCTCCGAGCTCGAGACAAACGGTCAACGACGGATTCTCCCCAATCATCATCAGCAGCAGCAGCAC
GAGCACCAACAACATATGCCATATGGCCTCAATGCATCTGCTTACGCTCTCAACAACCCTAACTTGCA
ATGCAAGCAAGAGCTAGAACTACACTACAACCACCTGGTACAACGAAATCATCTTCTTGATGAATCTC
ATTTATCGTTCCTCCAACTTCCTCAACTAGAAAGCCCTAAGATTCAACAAGATAACAGTAATTGCAAC
TCTCTTCCTTATGGAACAAGCAACATCGATAATAACTCGAGCCATAATGCTA

FIGURA 26 (Cont.)

ACTTGCAGCAATCAAATATCGCGCATGAGGAACAATTGAATCAAGGAAATCAGAACTTCAGCTCTCTA
TACATGAACAGCGGCAACGAGCAAGTGATGGACCAAGTCACAGACTGGAGAGTTCTCGATAAATTTGT
TGCTTCTCAGCTAAGCAACGAGGAGGCTGCCACAGCTTCTGCATCTATACAGAATAATGCCAAGGACA
CAAGCAATGCTGAGTACCAAGTTGATGAAGAAAAAGATCCGAAAAGGGCTTCAGACATGGGAGAAGAA
TATACTGCTTCTACTTCTTCGAGTTGTCAGATTGATCTATGGAAGTGAGCTGAAAGAGAAGACATATA
AATGCATATATACATATATATATATACGTACACACGAACACTAATCAAGTGTAGATGATGATGATGGT
ACAGATTTATATTTGCTTTGATTGATTCTTACTACATTATTGAACTTATGTCATATGCATATATACAT
TGCGTATCTATGCATATTTATACTTGTACTCAATATGATTAACCATATATAAACTCTAATCTAAATGT
AA

SEQ ID NO: 14 - ANAC007/EMB2749" ="AT1G12260"NP_172690.1"

MNSFSHVPPGFRFHPTDEELVDYYLRKKVASKRIEIDFIKDIDLYKIEPWDLQELCKIGHEEQSDWYF
FSHKDKKYPTGTRTNRATKAGFWKATGRDKAIYLRHSLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKSDWIMHEYRLE
TDENGTPQEEGWVVCRVFKKRLAAVRRMGDYDSSPSHWYDDQLSFMASELETNGQRRILPNHHQQQQH
EHQQHMPYGLNASAYALNNPNLQCKQELELHYNHLVQRNHLLDESHLSFLQLPQLESPKIQQDNSNCN
SLPYGTSNIDNNSSHNANLQQSNIAHEEQLNQGNQNFSSLYMNSGNEQVMDQVTDWRVLDKFVASQLS
NEEAATASASIQNNAKDTSNAEYQVDEEKDPKRASDMGEEYTASTSSSCQIDLWK

SEQ ID NO: 15 - NM_104947.1| Arabidopsis thaliana ANAC026; fator de transcrição (ANAC026)

ATGAATTCGTTTTCACAAGTACCTCCTGGCTTCAGATTTCATCCTACTGATGAAGAACTTGTAGACTA
CTACTTGAGGAAAAAAGTTGCATCAAAGAGAATAGAAATCGATATCATCAAGGATGTTGATCTTTACA
AGATTGAGCCATGTGATCTTCAAGAGTTATGCAAGATAGGAAACGAAGAGCAGAGCGAATGGTACTTC
TTTAGTCATAAAGACAAGAAGTATCCCACGGGAACTCGAACCAATAGAGCCACGAAAGCAGGATTTTG
GAAAGCCACTGGAAGAGACAAGGCTATATATATAAGACATAGTCTTATCGGTATGAGGAAAACACTTG
TGTTTTACAAAGGAAGAGCCCCAAATGGTCAGAAATCCGATTGGATCATGCACGAATATCGCTTAGAA
ACAAGTGAAAATGGAACCCCTCAGGAAGAAGGATGGGTAGTATGTAGGGTATTCAAGAAGAAATTGGC
AGCGACAGTGAGGAAAATGGGAGATTACCATTCATCACCATCGCAGCATTGGTACGATGATCAGCTCT
CTTTTATGGCCTCCGAGATCATTTCTAGTTCTCCACGACAGTTTCTTCCCAATCATCATTATAACCGC
CACCATCACCAGCAGACATTGCCTTGTGGCCTCAATGCATTCAACAACAACAATCCTAACTTGCAATG
CAAGCAAGAGCTCGAGTTACATTACAATCAAATGGTACAACATCAACAACAAAACCATCATCTTCGTG
AATCTATGTTTCTCCAGCTTCCTCAGCTCGAAAGCCCTACCAGTAATTGCAATTCTGACAACAACAAT
AACACAAGAAATATTAGTAACTTGCAGAAATCATCAAATATATCTCATGAGGAACAATTGCAACAAGG
GAATCAAAGTTTCAGCTCTCTGTATTACGATCAAGGAGTAGAGCAAATGACTACTGACTGGAGAGTTC
TCGATAAATTTGTTGCTTCACAGCTTAGCAATGATGAAGAGGCTGCAGCCGTGGTTTCTTCTTCTTCT
CATCAAAACAACGTCAAGATTGACACGAGAAACACGGGTTATCATGTGATAGATGAGGGAATAAATTT
GCCGGAGAATGATTCTGAAAGGGTTGTTGAAATGGGAGAAGAGTATTCAAATGCTCATGCTGCTTCTA
CTTCTTCAAGTTGTCAGATTGATCTCTAG

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 16 - ANAC026"AT1G62700" ="NP_176457.1"

MNSFSQVPPGFRFHPTDEELVDYYLRKKVASKRIEIDIIKDVDLYKIEPCDLQELCKIGNEEQSEWYF
FSHKDKKYPTGTRTNRATKAGFWKATGRDKAIYIRHSLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKSDWIMHEYRLE
TSENGTPQEEGWVVCRVFKKKLAATVRKMGDYHSSPSQHWYDDQLSFMASEIISSSPRQFLPNHHYNR
HHHQQTLPCGLNAFNNNNPNLQCKQELELHYNQMVQHQQQNHHLRESMFLQLPQLESPTSNCNSDNNN
NTRNISNLQKSSNISHEEQLQQGNQSFSSLYYDQGVEQMTTDWRVLDKFVASQLSNDEEAAAVVSSSS
HQNNVKIDTRNTGYHVIDEGINLPENDSERVVEMGEEYSNAHAASTSSSCQIDL

SEQ ID NO: 17 - XM_476289.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica)

ATGGATGGATCTAGTATGAGCAGCAGCAGCACGCAGCAGCAGGCGCAGGTTCCTCCTGGATTTCGTTT
CCACCCGACGGACGAAGAGCTGGTGGATTACTACCTTCGGAAGAAGGTGGCCGCAAGAAGGATTGATC
TCAATGTCATCAAGGACGTCGATCTCTACAAGATTGAGCCATGGGATCTGCAAGAGCGTTGCCGGATC
AATGGCGGGTCGGCGGCGGAGGAGCAGAACGAATGGTACTTCTTCAGCCACAAGGACAAGAAGTACCC
GACGGGGACGAGGACCAACCGTGCGACGGCGGCCGGGTTCTGGAAGGCGACGGGGCGAGACAAGCCCA
TCTACGCCACCAAGCAGCACAGCCTCCTCGTGGGCATGAGGAAGACGCTCGTCTACTACCGCGGCCGC
GCCCCCAACGGCCACAAGTCCGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGAGACCACCGAGACGGCCCC
GCCGCAGGAAGAAGGGTGGGTGGTATGCCGGGTGTTCAAGAAGAGATTACCCACAACAAGAAGAGATT
CAGACCATGACGCACCTTGCGGCAGCTGGTACGTTGATGAAGATGCACCGGGCGCCTTCATGTCTCCG
ATGATGATCACCAGATCATCAATATTGCGCCCACACCAACACCACGCCGGCATCACGCTGCAAGAGCA
ACACCTCCACACCACTTACAAGCACAGAGACCTCACTACTAAGATTCAGCAGCTCCAAGTCCCTGCGG
CAGGCCATCATCTCCTCAACACCATGCCCCATGACCTGGAGAGTTCTACTTCCTCCTTCCATTCTCTT
TTGGTCTCACCTGATCACCACCAAATCAACATGCACCATGCTCAGGCTGATCCCTTCTTTGACGACAT
GCATGCAGTCGATCAAGCCACTACCACTGACTGGAGAGTTCTTGACAAGTTTGTTGCCTCTCAGCTTA
GCAATGATGCTACAAACAAGCCTGCGGATCATTATACTGATGAAGGAGACATTCTTCAGGTCAGTGAC
AAGCAGCAAGAGGTGGCAGCCGCCGATTATGCGTCCACATCAACGTCAAGCAGCCAAATTGATCCATG
GAAGTGA

SEQ ID NO: 18 - OSJNBa0075G19.15 "proteína tipo NAM" ="XP_476289.1"

MDGSSMSSSSTQQQAQVPPGFRFHPTDEELVDYYLRKKVAARRIDLNVIKDVDLYKIEPWDLQERCRI
NGGSAAEEQNEWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATAAGFWKATGRDKPIYATKQHSLLVGMRKTLVYYRGR
APNGHKSDWIMHEYRLETTETAPPQEEGWVVCRVFKKRLPTTRRDSDHDAPCGSWYVDEDAPGAFMSP
MMITRSSILRPHQHHAGITLQEQHLHTTYKHRDLTTKIQQLQVPAAGHHLLNTMPHDLESSTSSFHSL
LVSPDHHQINMHHAQADPFFDDMHAVDQATTTDWRVLDKFVASQLSNDATNKPADHYTDEGDILQVSD
KQQEVAAADYASTSTSSSQIDPWK

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 19 - NM_127362.1| Arabidopsis thaliana ANAC037; fator de transcrição (ANAC037)

ATGGAGCCAATGGAATCTTGTAGCGTTCCTCCAGGATTTAGGTTCCATCCGACGGACGAAGAGCTTGT
CGGGTACTATCTAAGGAAGAAAATCGCATCGCAAAAGATTGATCTCGACGTCATCAGAGACATCGATC
TCTACAGAATAGAACCATGGGATCTACAAGAACAATGTCGAATCGGTTATGAGGAACAAAATGAATGG
TATTTTTTTAGTCACAAGGACAAGAAATATCCAACGGGGACAAGAACTAATAGAGCGACCATGGCTGG
ATTTTGGAAAGCCACGGGAAGAGACAAAGCTGTTTACGACAAAACAAAACTAATTGGTATGAGGAAAA
CACTTGTGTTCTACAAAGGACGTGCACCTAATGGCAAGAAATCCGATTGGATCATGCATGAGTACCGG
CTCGAGTCAGATGAGAATGCACCGCCCCAGGAAGAAGGATGGGTGGTTTGTAGAGCATTCAAAAAAAG
AGCTACAGGGCAAGCCAAGAACACGGAAACTTGGAGCTCAAGTTACTTTTACGATGAAGTTGCACCGA
ATGGAGTTAACTCGGTTATGGACCCCATTGATTACATATCTAAGCAGCAACATAACATTTTTGGGAAA
GGTTTGATGTGTAAGCAAGAACTAGAAGGAATGGTTGATGGTATAAACTATATACAATCGAATCAATT
CATTCAGCTCCCACAACTCCAAAGCCCTTCTCTCCCGCTGATGAAAAGACCTTCAAGCTCGATGTCCA
TAACATCAATGGATAACAATTACAACTATAAACTCCCATTAGCGGATGAAGAAAGCTTCGAGTCATTC
ATAAGAGGAGAGGATAGAAGGAAGAAGAAAAAGCAAGTAATGATGACGGGAAATTGGAGAGAGTTAGA
CAAGTTTGTTGCTTCACAACTTATGAGCCAAGAAGACAATGGAACTTCAAGTTTCGCAGGTCATCATA
TAGTTAATGAAGATAAAAACAACAATGATGTGGAGATGGATTCGTCAATGTTTTTGAGCGAAAGAGAA
GAAGAAAACAGGTTCGTCAGTGAATTCTTGAGTACAAACTCGGATTATGATATTGGGATTTGCGTATT
TGATAATTGA

SEQ ID NO: 20 - ANAC037"AT2G18060"NP_179397.1"

MEPMESCSVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKIASQKIDLDVIRDIDLYRIEPWDLQEQCRIGYEEQNEW
YFFSHKDKKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKAVYDKTKLIGMRKTLVFYKGRAPNGKKSDWIMHEYR
LESDENAPPQEEGWVVCRAFKKRATGQAKNTETWSSSYFYDEVAPNGVNSVMDPIDYISKQQHNIFGK
GLMCKQELEGMVDGINYIQSNQFIQLPQLQSPSLPLMKRPSSSMSITSMDNNYNYKLPLADEESFESF
IRGEDRRKKKKQVMMTGNWRELDKFVASQLMSQEDNGTSSFAGHHIVNEDKNNNDVEMDSSMFLSERE
EENRFVSEFLSTNSDYDIGICVFDN

SEQ ID NO: 21 - NM_119783.2| Arabidopsis thaliana ANAC076; fator de transcrição (ANAC076)

CTTTCTCTTCACATTCACCGAAACTTATAACCAAGATCAATATCAGTTCTCTCTCTCGATGAACATCA
TCTTCTACACAGCCATCTTTCTTTGACTTCTTCTTCTTCTTCTTAATATAACGGCTCGTTTCTTTTGT
TTCCAAACGAGTAAATAGTGTCCTATACACATATCTATAATTCCACAGGTTGAAGAAAAGAAATAATG
GAATCGGTGGATCAATCATGTAGTGTTCCTCCGGGATTCAGATTCCATCCAACAGATGAAGAGCTCGT
TGGTTACTATTTAAGGAAAAAAGTTGCATCGCAAAAGATCGATCTTGATGTCATAAGAGATATTGATC
TCTACAGAATCGAACCATGGGATTTACAAGAGAGCTGCCGAATCGGATATGAGGAAAGAAATGAATGG
TATTTCTTCAGCCACAAAGATAAGAAATATCCAACAGGAACAAGAACAAACAGAGCGACCATGGCTGG
GTTTTGGAAAGCCACGGGCCGAGACAAGGCTGTTTACGACAAGTCAAAACTGATTGGTATGAGAAAAA
CACTTGTGTTCTACAAAGGAAGAGCCCCTAATGGCCAAAAAACCGATTGGATCATGCATGAATACCGG
CTAGAGTCAGATGAGAATGCACCTCCTCAGGAAGAAGGGTGGGTGGTTTGTAGAGCGTTCAAGAAAAA
GCCAATGACCGGGCAAGCCAAGAACACAGAAACTTGGAGCTCAAGTTACTTTTACGACGAATTA

FIGURA 26 (Cont.)

CCGAGTGGAGTACGCTCAGTTACGGAGCCTCTTAACTACGTATCTAAGCAGAAACAAAACGTTTTTGC
ACAAGATTTAATGTTCAAGCAAGAACTAGAAGGATCAGATATCGGTTTAAACTTCATCCACTGCGATC
AATTCATTCAACTTCCGCAGCTTGAAAGCCCTTCACTCCCTCTTACCAAAAGACCAGTGAGCTTGACG
TCAATTACATCATTGGAGAAGAATAAAAATATCTACAAAAGACATTTAATAGAAGAGGATGTGAGCTT
CAATGCGCTAATAAGTAGTGGAAATAAAGATAAGAAGAAGAAGAAAACATCAGTGATGACGACGGATT
GGAGAGCACTCGATAAATTTGTTGCTTCTCAACTTATGAGCCAAGAAGATGGAGTTTCGGGTTTTGGA
GGTCATCATGAAGAAGATAACAATAAAATCGGTCATTACAATAACGAAGAGAGCAATAACAAGGGATC
AGTAGAGACTGCTTCTTCCACGTTATTGAGTGATAGAGAAGAAGAGAACAGATTCATCAGTGGATTAT
TGTGTTCCAACTTGGACTATGACTTATATAGGGATTTACATGTTTGATAAAAGATAACACTATAATAT
GGTGCGTAACGTTTGCTATATAGGTACGTAGAATTTATTGATACAGTATAACATATATAAAGATGTGT
GAAAGATTTGTTTTCTTCTACTATATATACTTTTTCGTGAA

SEQ ID NO: 22 - ANAC076"AT4G36160"NP_195339.1"

MESVDQSCSVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKVASQKIDLDVIRDIDLYRIEPWDLQESCRIGYEERNE
WYFFSHKDKKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKAVYDKSKLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKTDWIMHEY
RLESDENAPPQEEGWVVCRAFKKKPMTGQAKNTETWSSSYFYDELPSGVRSVTEPLNYVSKQKQNVFA
QDLMFKQELEGSDIGLNFIHCDQFIQLPQLESPSLPLTKRPVSLTSITSLEKNKNIYKRHLIEEDVSF
NALISSGNKDKKKKKTSVMTTDWRALDKFVASQLMSQEDGVSGFGGHHEEDNNKIGHYNNEESNNKGS
VETASSTLLSDREEENRFISGLLCSNLDYDLYRDLHV

SEQ ID NO: 23 - NM_187584.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japonica)

ATGGAATCATGCGTCCCTCCTGGGTTCAGGTTCCACCCCACCGACGAGGAGCTCGTCGGCTACTACCT
CCGCAAGAAGGTCGCCTCCCAGAAGATCGACCTCGACGTCATCCGCGACATCGATCTCTACCGCATCG
AACCCTGGGATCTCCAAGAACATTGTGGGATCGGGTACGATGAGCAAAGCGAGTGGTACTTCTTCAGC
TACAAGGACAGGAAGTACCCGACGGGGACGAGGACGAACAGGGCGACAATGGCGGGGTTCTGGAAGGC
GACGGGGAGGGACAAGGCGGTGCACGACAAGAGCAGGCTCATCGGCATGAGGAAGACACTCGTCTTCT
ATAAGGGCAGGGCGCCTAATGGCCAGAAGACCGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGAGACCGAC
GAGAACGCGCCGCCACAGGAAGAAGGATGGGTGGTGTGCCGAGCATTCAAGAAGAGGACGGCGTATCC
GGCGAGGAGCATGGTGGAGACGTGGGACTACTCCTTGCACGAGCGCAACATCATGAGCGCCGCGGCGG
CGGCGGCGTTCGCCGATCCGAGCGCGGCGTACGCGCAGATGAGGCGGCAGCACAGGAGCGGGCGGTTC
AAGCAGGAGGCGGAGCTGGACGGCGCCGCCACAGCCCTCCTCCACTACTCCAGCCACCTCGCCGAGCT
GCCGCAGCTCGAGAGCCCCTCCGCGGCTGCGGCGCCGCTCCAGCCCAACCCGAGCCAGCTGGCCACCG
CCGGCGAGGACGACGACTGCAAGGGCGATAATGGCGGTAGGAGGGCCAAGAAAGCCCGCGCCGCCGGC
GACAAGGTGGCGACGACCACGGACTGGAGAGCGCTCGACAAGTTCGTCGCGTCGCAGCTTAGCCCCGG
GGAGTGTGGCAGCATGGAGGCAACGGCGGAAGCCGCGGCGGCGGCAGTCGCCGGTGTGAGCTCGCCGC
TGGACCACGGCGATGACGACATGGCAGCATTGCTGTTTCTCAACAGCGACGAGAGAGACGAGGTCGAC
AGGTGGACGGGGTTGCTCGGCTCCGGCGCCGGCGCGAGCGGCGTCGACGGCGACCTCGGAATCTGTGT
GTTTGACAAATGA

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 24 - OJ1015F07.11" ="NP_912473.1" NM_187584.1

MESCVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKVASQKIDLDVIRDIDLYRIEPWDLQEHCGIGYDEQSEWYFFS
YKDRKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKAVHDKSRLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKTDWIMHEYRLETD
ENAPPQEEGWVVCRAFKKRTAYPARSMVETWDYSLHERNIMSAAAAAAFADPSAAYAQMRRQHRSGRF
KQEAELDGAATALLHYSSHLAELPQLESPSAAAAPLQPNPSQLATAGEDDDCKGDNGGRRAKKARAAG
DKVATTTDWRALDKFVASQLSPGECGSMEATAEAAAAAVAGVSSPLDHGDDDMAALLFLNSDERDEVD
RWTGLLGSGAGASGVDGDLGICVFDK

SEQ ID NO: 25 - NM_125632.1| Arabidopsis thaliana ANAC101; fator de transcrição (ANAC101)

ATGGAAAGTCTCGCACACATTCCTCCCGGTTATCGATTCCATCCGACCGATGAAGAACTCGTTGACTA
TTATCTCAAGAACAAAGTTGCATTCCCGGGAATGCAAGTTGATGTTATCAAAGATGTTGATCTCTACA
AAATCGAGCCATGGGACATCCAAGAGTTATGTGGAAGAGGGACAGGAGAAGAGAGGGAATGGTATTTC
TTTAGCCACAAGGACAAGAAATATCCAACTGGGACACGAACCAATAGAGCAACGGGCTCCGGATTTTG
GAAAGCAACGGGTCGAGACAAGGCCATTTACTCAAAGCAAGAGCTTGTTGGGATGAGGAAGACTCTTG
TCTTTTACAAAGGTAGGGCCCCAAATGGTCAGAAATCTGATTGGATAATGCACGAATACCGTCTTGAG
ACCGATGAAAATGGACCGCCTCATGAGGAAGGATGGGTGGTTTGTCGCGCTTTCAAGAAGAAGCTAAC
CACGATGAACTACAACAATCCAAGAACAATGATGGGATCATCATCAGGCCAAGAATCTAACTGGTTCA
CGCAGCAAATGGATGTGGGGAATGGTAATTACTATCATCTTCCTGATCTAGAGAGTCCGAGAATGTTT
CAAGGCTCATCATCATCATCACTATCATCATTACATCAGAATGATCAAGACCCTTATGGTGTCGTACT
CAGCACTATTAACGCAACCCCAACTACAATAATGCAACGAGATGATGGTCATGTGATTACCAATGATG
ATGATCATATGATCATGATGAACACAAGTACTGGTGATCATCATCAATCAGGATTACTAGTCAATGAT
GATCATAATGATCAAGTAATGGATTGGCAAACGCTTGACAAGTTTGTTGCTTCTCAGCTAATCATGAG
CCAAGAAGAGGAAGAAGTTAACAAAGATCCATCAGATAATTCTTCGAATGAAACATTTCATCATCTCT
CTGAAGAGCAAGCTGCAACAATGGTTTCGATGAATGCTTCTTCCTCTTCTTCTCCATGTTCCTTCTAC
TCTTGGGCTCAAAATACACACACGTAA

SEQ ID NO: 26 - ANAC101"AT5G62380"id="NP_201044.1"

MESLAHIPPGYRFHPTDEELVDYYLKNKVAFPGMQVDVIKDVDLYKIEPWDIQELCGRGTGEEREWYF
FSHKDKKYPTGTRTNRATGSGFWKATGRDKAIYSKQELVGMRKTLVFYKGRAPNGQKSDWIMHEYRLE
TDENGPPHEEGWVVCRAFKKKLTTMNYNNPRTMMGSSSGQESNWFTQQMDVGNGNYYHLPDLESPRMF
QGSSSSSLSSLHQNDQDPYGVVLSTINATPTTIMQRDDGHVITNDDDHMIMMNTSTGDHHQSGLLVND
DHNDQVMDWQTLDKFVASQLIMSQEEEEVNKDPSDNSSNETFHHLSEEQAATMVSMNASSSSSPCSFY
SWAQNTHT

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 27 - NM_126028.1| Arabidopsis thaliana ANAC105; fator de transcrição (ANAC105)

ATGATGAAGGTTGATCAAGATTATTCGTGTAGTATACCGCCTGGATTTAGGTTTCATCCGACAGATGA
AGAACTTGTCGGATATTATCTCAAGAAGAAAATCGCCTCCCAGAGGATTGATCTCGACGTTATCAGAG
AAATTGATCTTTACAAGATCGAACCATGGGATCTACAAGAGAGATGTAGGATAGGGTACGAGGAGCAA
ACGGAGTGGTATTTCTTCAGCCATAGAGACAAGAAGTATCCGACTGGGACTAGGACAAACCGAGCCAC
CGTGGCCGGTTTCTGGAAAGCAACGGGCCGGGACAAGGCGGTTTACCTCAACTCCAAACTTATCGGTA
TGAGAAAAACGCTTGTCTTTTACCGAGGTCGAGCGCCTAATGGCCAAAAGTCCGATTGGATCATTCAC
GAATACTACAGCCTCGAGTCACACCAGAACTCTCCTCCACAGGAAGAAGGATGGGTAGTGTGTAGAGC
ATTTAAGAAACGAACGACCATCCCAACAAAAAGGAGGCAACTTTGGGATCCGAACTGCTTATTCTACG
ACGACGCCACTCTCTTGGAACCTCTCGACAAGCGAGCCAGACATAATCCTGATTTTACCGCCACACCG
TTCAAGCAAGAACTACTCTCCGAGGCCAGTCACGTCCAGGATGGAGATTTCGGATCTATGTACCTTCA
ATGCATCGATGATGATCAATTCTCCCAGCTTCCTCAGCTCGAGAGCCCCTCTCTTCCGTCGGAAATAA
CTCCCCATAGTACTACTTTTTCTGAGAACAGTAGCCGGAAAGATGACATGAGCTCCGAGAAGAGGATC
ACTGACTGGAGATATCTAGATAAGTTCGTGGCGTCTCAATTTTTGATGAGTGGAGAAGACTAA

SEQ ID NO: 28 - ANAC105"At5g66300"AAU94387.1"

MMKVDQDYSCSIPPGFRFHPTDEELVGYYLKKKIASQRIDLDVIREIDLYKIEPWDLQERCRIGYEEQ
TEWYFFSHRDKKYPTGTRTNRATVAGFWKATGRDKAVYLNSKLIGMRKTLVFYRGRAPNGQKSDWIIH
EYYSLESHQNSPPQEEGWVVCRAFKKRTTIPTKRRQLWDPNCLFYDDATLLEPLDKRARHNPDFTATP
FKQELLSEASHVQDGDFGSMYLQCIDDDQFSQLPQLESPSLPSEITPHSTTFSENSSRKDDMSSEKRI
TDWRYLDKFVASQFLMSGED

SEQ ID NO: 29 - AK071064.1|:c927-1 clone de cDNA de Oryza sativa

(cultivar-grupo japonica)

CCATCTTAATTTTTTACTTCTTTACTTAATTATCTGTCCTACTATATATGTTAATTCATGGATATTAA
TATGGAATATGGATGCAGGAGGAAGGTTGGGTGGTTTGCCGCGCGTTTCAGAAGCCGATGCCCAACCA
GCAGCAGCACAGGCTGTCCTACGGCTGCATCCCCGGCAGCTACGGCGCCGGAGCCTACGCCGCCGTCC
CCGACAACTACAGCTTGCTGCTGCACCACGACAACCCTAGCTTCGCCGGGCGGCCATTGATGAGCGCC
GCTGCCTCAGCTCTCTTCGCCAACAACAACAATAACAGCGTCGTCGACCACAGCAACATTCTGAGTTC
AGAGTCCAAGCTTCACTTCTCCGACATGATGCCGCCTCTGGAGAGCCCCACCATCGTCGACGGCGAGG
GCTACGTCTCGCAGGCTAGCAGCTGCGTCGACGTCGATCAGCAAGCCGGCATCGTCGACTGGAACCTG
CTCACCAGCTTGCTGCCGCCGCCGGCGCATCAGCTCTTCCACCACCTGCCTTCCGCTTCGGGAGTTAT
TACAAGTAGAGTGAGAGGAGACGGCGCGGCGGCGGCGGCGGCGGGATGGAGAGGGAGAACCGGGT
GGAGACCATCTCCCGGCTGGCCCAGTGGCGCATCGACACCTTCGGCCCCTCCTCCTACCGCCGCTCCG
ATTCCTTCAAGATCGGCATCTGGAACTGGTTCCCTTCCCAATCCCAATCCCCCACTACTCAGAGATCA
CCGATTTGCCCTATCAAATCAAATCATCCGCCAATTCGATCCGAATCCGTGCAGGTACCTATCGGTGG
AGAAGGCTCGATATGTATACGTGGGGCTGTTCCCGGAGCCCGGGCGGGTGGCCAAGGAACGGCCCCCG
CTCGCCCGCTTCCTTCTCCGAGCTTGCTGGTCCGGCCCCAATG

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 30 – tradução AK071064 sentido

MQEEGWVVCRAFQKPMPNQQQHRLSYGCIPGSYGAGAYAAVPDNYSLLLHHDNPSFAGRPLMSAAASA
LFANNNNNSVVDHSNILSSESKLHFSDMMPPLESPTIVDGEGYVSQASSCVDVDQQAGIVDWNLLTSL
LPPPAHQLFHHLPSASGVITSRVRGDGAAAAAAAGWRGRTGWRPSPGWPSGASTPSAPPPTAAPIPSR
SASGTGSLPNPNPPLLRDHRFALSNQIIRQFDPNPCRYLSVEKARYVYVGLFPEPGRVAKERPPLARF
LLRACWSGPN

SEQ ID NO: 31 - gi|18409948|ref|NM_105851.1| Arabidopsis thaliana ANAC030; mRNA de fator de transcrição (ANAC030), cds completo

ATCTTGTTTCTTACTCATTTCTCTAACAATTTTCCAAATTAAATACGTTTATAGGATCATCGTGGATG
GATAATATAATGCAATCGTCAATGCCACCGGGATTCCGATTTCATCCGACAGAGGAAGAGCTTGTGGG
TTATTACCTAGATAGGAAGATCAATTCAATGAAGAGTGCTTTAGATGTCATTGTAGAGATTGATCTCT
ACAAAATGGAGCCATGGGATATACAAGCGAGGTGTAAACTAGGGTATGAAGAGCAAAACGAGTGGTAC
TTCTTTAGTCATAAGGACAGGAAGTACCCTACCGGGACTAGGACCAACCGAGCCACTGCGGCTGGGTT
CTGGAAAGCCACGGGTAGAGACAAGGCGGTACTATCAAAAAACAGTGTCATCGGAATGCGGAAGACAC
TTGTCTACTACAAGGGTCGAGCTCCTAATGGAAGAAAGTCCGATTGGATCATGCACGAATACCGTCTC
CAAAACTCCGAGCTTGCCCCGGTTCAGGAGGAAGGCTGGGTGGTGTGTCGAGCATTTAGGAAGCCAAT
TCCAAACCAGAGGCCATTAGGGTACGAGCCATGGCAGAACCAGCTCTACCACGTCGAAAGTAGTAACA
ACTACTCATCTTCAGTGACAATGAACACGAGTCATCATATCGGTGCATCTTCATCAAGTCATAACCTT
AATCAAATGCTCATGAGCAATAACCACTACAATCCTAATAATACATCCTCATCGATGCATCAATATGG
CAACATTGAGCTCCCGCAGTTGGACAGCCCGAGCTTGTCGCCTAGTTTAGGGACGAATAAAGATCAGA
ACGAGAGTTTCGAGCAAGAAGAAGAGAAGAGCTTTAACTGTGTGGATTGGAGAACACTAGATACCTTG
CTTGAGACACAAGTCATACATCCGCATAACCCTAATATTCTTATGTTCGAAACGCAGTCGTATAATCC
GGCGCCAAGCTTCCCTTCCATGCATCAAAGCTATAATGAGGTCGAAGCTAATATTCATCATTCTCTTG
GATGCTTCCCTGACTCGTAATTAAAAAAAAACACACTTCTATATATTGATTTGTATTCTATGATTTAA
TTGTTCCATCTGGAAAATAACATTTATAACTGTCTATTTGTAAAAGAAGTTTGTGTTTATTACGTAGA
AATTTGTTGTTG

SEQ ID NO: 32 - ANAC030"AT1G71930" ="NP_177338.1"

MDNIMQSSMPPGFRFHPTEEELVGYYLDRKINSMKSALDVIVEIDLYKMEPWDIQARCKLGYEEQNEW
YFFSHKDRKYPTGTRTNRATAAGFWKATGRDKAVLSKNSVIGMRKTLVYYKGRAPNGRKSDWIMHEYR
LQNSELAPVQEEGWVVCRAFRKPIPNQRPLGYEPWQNQLYHVESSNNYSSSVTMNTSHHIGASSSSHN
LNQMLMSNNHYNPNNTSSSMHQYGNIELPQLDSPSLSPSLGTNKDQNESFEQEEEKSFNCVDWRTLDT
LLETQVIHPHNPNILMFETQSYNPAPSFPSMHQSYNEVEANIHHSLGCFPDS

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 33 - NM_197511.1| proteína hipotética de Oryza sativa **OSJNBa0053C23.15**

ATGCAGCCGCCGCGGAGCTCCATCGGAGCATGGGAGGCGAGCTACTCCTACCACGACCCCGCCGTCTT
CGTCGGCGGCGGGGAACACTTCAAGCAAGAGGCCGCGGCCGAGCTGGACGGCGTCGCCGCCGCCGCCG
GAGCTAACGCCTTCCTGCGGTACTCCACCCGCCTGGCCGAGCTCCCGCAGCTGGAGAGCCCGCCGCTG
CCAAGCCAGGGGAGCCAGGCGGCCTCGGCCGTCGTCGACGGCGAGGAAGATAACGCCGATTCTAGCAG
GCGCCCTGGCGGCGGCGGCGGCGCCGCCGCCGCGGTGACCACGGACTGGAGGGCGTTCGACAAGTTCG
TCGCGTCCCAGCTCAGCCCCGAGGAGCAGCACACCTGCCGGGCCACCGACGACGACGACATGGCAGCG
CTGCTGCTCCTCGACGGCGGCGGGCAGGAGGACGACGCCGGGAGGTGGCTGGGCTCCGCCGGGTTGCT
GAGCGCCGTGGCGGCCGACGCGACGACGGACTGCGGCCTCGGCACCAGCTGCGTGCCTGGCGACATCA
ACTGA

SEQ ID NO: 34 - OSJNBa0053C23.15"NP_922493.1"NM_197511

MQPPRSSIGAWEASYSYHDPAVFVGGGEHFKQEAAAELDGVAAAAGANAFLRYSTRLAELPQLESPPL
PSQGSQAASAVVDGEEDNADSSRRPGGGGGAAAAVTTDWRAFDKFVASQLSPEEQHTCRATDDDDMAA
LLLLDGGGQEDDAGRWLGSAGLLSAVAADATTDCGLGTSCVPGDIN

SEQ ID NO: 35 - AB217775.1 Zinnia elegans Ze567 mRNA para proteína de domínio NAC Ze567

ATGGACACAATGAATCAATCATCATGTACTGTCCCTCCAGGTTTTCGTTTTCATCCTACCGATGAAGA
ACTTGTTGGTTACTATCTCAGAAAGAAGGTTGCATCTCAAAAGATTGATCTTGATGTCATTAAAGACA
TCGATCTTTATCGAATCGAACCATGGGATCTTATAGAGAGATGTCGGATCGGATACGAGGAGCAAAAT
GAGTGGTATTTCTTCAGTCACAAGGATAAAAAGTATCCAACAGGGACAAGGACAAATAGGGCAACTAT
GGCAGGTTTTTGGAAGGCAACGGGTAGAGACAAAGCTGTTTACGAAAAACTAAGGCTCATAGGAATGA
GAAAAACCCTAGTTTTCTACAAAGGAAGGGCACCAAATGGCCAGAAAACCGATTGGATCATGCACGAG
TACAGGCTCGAATCTGAAGAAAATGGACCTCCTCAGGAAGAAGGATGGGTAGTATGTCGAGCATTCAA
GAAACGTGCAACCGGACAAACAAGAACAACACCAGCATGGGAATCAAATTACTTCTTAGATGAATCAA
GCCTCCTTACATCCACAATGGATGATTACACCACAATTCAACCTTCAAATATTCCTTTGACATCAAGT
TTCATGTGCAAGCAAGAGTTGGAAGCATCAGAAAATTTGAACTTTATTCATTGTGATCAGTTTATTCA
ACTTCCACACCTCGAAAGCCCATCCCTCCAATCGATAAAACGGCCTATAAGCTCCATACTATATGAAC
ATGATCAACAAGAAGACGATCAAATCACAAAAAGAATCACAAACAACGTTAGGAGTAAAGATGAAGTG
AGGGATTGGAGGGATCTTGATAAGTTTGTAGCTTCTCAATTGAGCCAAGAGGAAGAGATTCGATGTGT
CGAAGAAGGGTTTTCAACGAATTTCCAAGAGAACATTGATCATTCTACTAGTTTGAGTCATATGTTTA
ATTATCAAGATGGTATTGAAGAATACAGTGGTTGTGACAAAGGGGGCAAGTTAAATGGATTCTTGAGT
TCAACAAGCTCAGATCATTTTGATGTTGGAATTTGCATATTTGATAAATTATGA

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 36 - Ze567" proteína de domínio NAC Ze567"BAE20090.1"

MDTMNQSSCTVPPGFRFHPTDEELVGYYLRKKVASQKIDLDVIKDIDLYRIEPWDLIERCRIGYEEQN
EWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATMAGFWKATGRDKAVYEKLRLIGMRKTLVFYKGRAPNGQKTDWIMHE
YRLESEENGPPQEEGWVVCRAFKKRATGQTRTTPAWESNYFLDESSLLTSTMDDYTTIQPSNIPLTSS
FMCKQELEASENLNFIHCDQFIQLPHLESPSLQSIKRPISSILYEHDQQEDDQITKRITNNVRSKDEV
RDWRDLDKFVASQLSQEEEIRCVEEGFSTNFQENIDHSTSLSHMFNYQDGIEEYSGCDKGGKLNGFLS
STSSDHFDVGICIFDKL

SEQ ID NO: 37 - AJ833965.1 mRNA parcial de Zea mays para (gene nac6) hipotético

ATGCATCCAGGTGTTGGACCATTGTCGGTGCCACCAGGCTTCCGCTTCCATCCGACTGATGAGGAGCT
CCTCTACTACTACCTGAGGAAAAAGGTTGCTTATGAGCCCATAGATCTTGATGTCATAAGGGAGATTG
ATCTCAATAAGCTTGAGCCCTGGGATCTCAAAGAAAGATGCAAAATAGGCACTGGGCCTCAAAACGAG
TGGTACTTCTTCAGCCACAAGGACAAGAAGTACTCAACGGGAACGAGAACGAACCGTGCCACGACGGC
GGGATTCTGGAAGGCGACTGGCCGAGACAAGGCCATCTTCCTTGGCAGCGCCAGGAGGATCGGCTTGA
GAAAGACCCTGGTGTTCTATATCGGCAGGGCGCCGCACGGGAAGAAGACTGAGTGGATCATGCACGAG
TACCGCCTTGATGAAGAGAACGTTGAAATTCAGGAAGATGGATGGGTGGTATGTAGGGTTTTCAAGAA
GAAGAACTATGAGCAGAGAGGCCACAACATGGCTGAGATGGCGGCACTGGACGACGATGAGCTCCAGC
CTTTCACGGTTCCTGTCGTCCCTGCTGGCACTAGCTCCCTGCCAACAACAGACCACAAGAACAACCCT
CACCTCATGCAATATGACTTCCCTTCTTTCGACCCTTCCATGCAGCTCCCACAGCTGATGAGCGCCGA
CCAGCCCGTGCCAACCCTATTCCCCAGCCATCCTGGCGTCGCCACGGCCATGAGCTCATCAATCGACG
TTGAGTGCTCGCAGAACCTGCTGACGATGCTGACATCCAACGGCAGCGACGGGATGCTCCACGTCCGC
GCTGGTGGTGCTGGAGCTGGTGTCGACCGCTTCGCTGGCACGACAGATTGGTCGATCCTAGACAAGCT
CCTCGCCTCGCACCAGAACCTCGGACAGCTCTTCCACGGCAAGGTCACCGCAGCATCTGCCTCCCCAA
TGGCTCCATACCATCAGCAGCTCATGGAACTCGGGTGGCTCGTCGTCGTCGTCGTCCTTGCAGAGGCT
TCCACTGCAGTACCTCAGCGGCGAGACGACCGATCTCCTCAGGTTCCCCAAGTAATTATTGGATCGAC
CTCAAGTTTAGCTACCTTGTTGAGCAGTGACCATATCAGGATTTTGGTTGACTACTAGGCTGCTTAAT
TCGGCCTACTTCGTATGGAGTTTAGTGCTTTTAAATGTATATATGGTGCAACTGTTTGGGGCATGCAG
GCATGGAATGCCATCGATCTACCATGGTTGCTTGCTTGGCCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 38 – Milho nac6CAH56056.1

MHPGVGPLSVPPGFRFHPTDEELLYYYLRKKVAYEPIDLDVIREIDLNKLEPWDLKERCKIGTGPQNE
WYFFSHKDKKYSTGTRTNRATTAGFWKATGRDKAIFLGSARRIGLRKTLVFYIGRAPHGKKTEWIMHE
YRLDEENVEIQEDGWVVCRVFKKKNYEQRGHNMAEMAALDDDELQPFTVPVVPAGTSSLPTTDHKNNP
HLMQYDFPSFDPSMQLPQLMSADQPVPTLFPSHPGVATAMSSSIDVECSQNLLTMLTSNGSDGMLHVR
AGGAGAGVDRFAGTTDWSILDKLLASHQNLGQLFHGKVTAASASPMAPYHQQLMELGWLVVVVVLAEA
STAVPQRRDDRSPQVPQVIIGSTSSLATLLSSDHIRILVDY

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 39 – promotor gos2

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATATAA
AATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAAACTCATCCACCTACTTTAG
TGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCCTTAGTAATTAAGTGGGAAA
ATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTCACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCGAGGTAGCC
ATAATTGTCATCAAACTCTTCTTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGTAAAGAGAGAG
ATTTTTTTTAAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAACATATAATTATA
TAATTTTATAGTTTGTGCATTCGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTACTCCATCCCAATTT
TTATTTAGTAATTAAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCGATTAGATGCAAGGTAC
TTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAATACACGTTCAACTAGCAAC
ACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATCTGAATTCAAGCACTCCACCA
TCACCAGACCACTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTTACAGAATAGCATGAAAAGTATG
AAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAAAAAAAAGAATTTTGCTCGTGCGCGAGCGCCAATCT
CCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCACAGAACAACCCACAAAAAACGATGATCT
AACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAGGCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGAG
GCAAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAAATTCCTCCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATA
GGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAAGGACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCC
TTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGGTCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAG
GGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGG
AAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCCTGTTCTTGGATTTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCAT
GTTATCGGTTCGGTTTGATTAGTAGTATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAAATGAAATGG
TTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTTGTGAGTACCTTTTGTTTGAGGTAAAATCAGAGCACCGGTGAT
TTTGCTTGGTGTAATAAAAGTACGGTTGTTTGGTCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTTGAC
GAAGCTATCCTTTGTTTATTCCCTATTGAACAAAAATAATCCAACTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGA
GATTGAATGATTGATTCTTAAGCCTGTCCAAAATTTCGCAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCC
ATCACGAAATTCATGGAAACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTT
TAGTCCCAGAATTTTTTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATT
GCTACAAATAATGCTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTT
TAGTCAGGAGAAGAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATATGAAATGAACTGTAGCATA
AGCAGTATTCATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTG
GCATGAACTGTCCTCAATTTTGTTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTA
CCTGTAGAAGTTTCTTTTTGGTTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAA
TCGGGATAGTTATACTGCTTGTTCTTATGATTCATTTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCAC
TTTCACCAGCAAAGTTC

SEQ ID NO: 40 – promotor de protoclorofilida redutase

TTGCAGTTGTGACCAAGTAAGCTGAGCATGCCCTTAACTTCACCTAGAAAAAAGTATACTTGGCTTAA
CTGCTAGTAAGACATTTCAGAACTGAGACTGGTGTACGCATTTCATGCAAGCCATTACCACTTTACCT
GACATTTTGGACAGAGATTAGAAATAGTTTCGTACTACCTGCAAGTTGCAACTTGAAAAGTGAAATTT
GTTCCTTGCTAATATATTGGCGTGTAATTCTTTTATGCGTTAGCGTAAAAAGTTGAAATTTGGGTCAA
GTTACTGGTCAGATTAACCAGTAACTGGTTAAAGTTGA

FIGURA 26 (Cont.)

AAGATGGTCTTTTAGTAATGGAGGGAGTACTACACTATCCTCAGCTGATTTAAATCTTATTCCGTCGG
TGGTGATTTCGTCAATCTCCCAACTTAGTTTTTCAATATATTCATAGGATAGAGTGTGCATATGTGTG
TTTATAGGGATGAGTCTACGCGCCTTATGAACACCTACTTTTGTACTGTATTTGTCAATGAAAAGAAA
ATCTTACCAATGCTGCGATGCTGACACCAAGAAGAGGCGATGAAAAGTGCAACGGATATCGTGCCACG
TCGGTTGCCAAGTCAGCACAGACCCAATGGGCCTTTCCTACGTGTCTCGGCCACAGCCAGTCGTTTAC
CGCACGTTCACATGGGCACGAACTCGCGTCATCTTCCCACGCAAAACGACAGATCTGCCCTATCTGGT
CCCACCCATCAGTGGCCCACACCTCCCATGCTGCATTATTTGCGACTCCCATCCCGTCCTCCACGCCC
AAACACCGCACACGGGTCGCGATAGCCACGACCCAATCACACAACGCCACGTCACCATATGTTACGGG
CAGCCATGCGCAGAAGATCCCGCGACGTCGCTGTCCCCCGTGTCGGTTACGAAAAAATATCCCACCAC
GTGTCGCTTTCACAGGACAATATCTCGAAGGAAAAAAATCGTAGCGGAAAATCCGAGGCACGAGCTGC
GATTGGCTGGGAGGCGTCCAGCGTGGTGGGGGGCCCACCCCCTTATCCTTAGCCCGTGGCGCTCCTCG
CTCCTCGGGTCCGTGTATAAATACCCTCCGGAACTCACTCTTGCTGGTCACCAACACGAAGCAAAAGG
ACACCAGAAACATAGTACACTTGAGCTCACTCCAAACTCAAACACTCACACCA

SEQ ID NO: 41 – Motivo I

K/P/R/G I/S/M D/A/E/Q L/I/V D I/V/F I Q/V/R/K E/D L/I/V D.

SEQ ID NO: 42 – Motivo II

C K/R Y/L/I G XXX G/Y/N D/E E Q/R T/N/S EW

onde 'X' é qualquer aminoácido ou uma lacuna

SEQ ID NO: 43 – Motivo III

GWVVCR A/V F X^1 K X^2

onde 'X1' e 'X2' podem ser qualquer aminoácido, preferivelmente 'X1' é Q/R/K, preferivelmente 'X2' é P/R/K.

SEQ ID NO: 44 – iniciador adaptador

AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGTACGCGGG

SEQ ID NO: 45 – iniciador: OsNAM2-2

CTCTCCAGAGGCGGCATCATGTCGGA

SEQ ID NO: 46 – iniciador: OsNAM2-1

TGATCGGGATGAGGAAGA

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 47 – iniciador: **OsNAM2-3**

GATCAGTCTCGGTCATCGATG

SEQ ID NO: 48 – iniciador: **prm08733**

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGATCGGCATGAGGAG

SEQ ID NO: 49 – iniciador: **prm08734**

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTCGATCGATCAGTCTCGGT

FIGURA 26 (Cont.)

SEQ ID NO: 50 - CDS4035 - XM_470088.1 - Oryza sativa

TCACAACCCACAACATTTTCAAACAACGCAAAGCAGTAGCAGCAGCGAGAAGCAAGCAAGAAGCGATG
GGGATGGGGATGAGGAGGGAGAGGGACGCGGAGGCGGAGCTGAACCTGCCGCCGGGGTTCAGGTTCCA
CCCCACGGACGACGAGCTGGTGGAGCACTACCTGTGCAGGAAGGCGGCGGGGCAGCGCCTGCCGGTGC
CGATCATCGCCGAGGTGGATCTCTACAAGTTCGACCCGTGGGATCTGCCCGAGCGCGCGCTGTTCGGC
GCCAGGGAGTGGTACTTCTTCACCCCGCGGGATCGCAAGTATCCTAATGGGTCACGCCCCAACCGCGC
CGCCGGCAACGGGTACTGGAAGGCCACCGGCGCCGACAAGCCCGTCGCGCCGCGGGGGCGCACGCTTG
GGATCAAGAAGGCGCTCGTGTTCTACGCCGGCAAGGCGCCGCGAGGGGTCAAGACTGATTGGATCATG
CATGAGTACCGGCTCGCCGATGCTGGCCGCGCCGCCGCGGGCGCCAAGAAGGGATCTCTCAGGTTGGA
TGATTGGGTGCTGTGTCGGCTGTACAACAAGAAGAACGAGTGGGAGAAGATGCAGCAGGGGAAGGAGG
TGAAGGAGGAGGCGTCCGACATGGTTACGTCGCAGTCGCACTCGCACACCCACTCGTGGGGCGAGACG
CGCACGCCGGAGTCGGAGATCGTGGACAACGACCCCTTCCCGGAGCTGGACTCGTTCCCGGCGTTCCA
GCCTGCGCCGCCGCCGGCGACGGCGATGATGGTGCCCAAGAAAGAATCGATGGACGACGCCACCGCGG
CCGCCGCCGCCGCCGCCACCATCCCCAGGAACAACAGCAGCCTGTTCGTGGACCTGAGCTACGACGAT
ATCCAGGGCATGTACAGCGGCCTCGACATGCTGCCGCCGGGCGACGACTTCTACTCGTCGCTCTTCGC
GTCGCCGCGGGTGAAGGGGACGACGCCACGCGCCGGCGCCGGCATGGGCATGGTCCCGTTCTGA

SEQ ID NO: 51 - CDS4035 - XP_470088.1 - Oryza sativa

MGMGMRRERDAEAELNLPPGFRFHPTDDELVEHYLCRKAAGQRLPVPIIAEVDLYKFDPWDLPERALF
GAREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGNGYWKATGADKPVAPRGRTLGIKKALVFYAGKAPRGVKTDWI
MHEYRLADAGRAAAGAKKGSLRLDDWVLCRLYNKKNEWEKMQQGKEVKEEASDMVTSQSHSHTHSWGE
TRTPESEIVDNDPFPELDSFPAFQPAPPPATAMMVPKKESMDDATAAAAAAATIPRNNSSLFVDLSYD
DIQGMYSGLDMLPPGDDFYSSLFASPRVKGTTPRAGAGMGMVPF

SEQ ID NO: 52 - AB028185.1 - Oryza sativa

TCGACCCACGCGTCCGCTCTTCCCAACACTAGTAGGATAAAGCCACAGAGAGAGCAGTAGTAGTAGCG
AGCTCGCCGGAGAACGGACGATCACCGGAGAAGGGGGAGAGAGATGAGCGGCGGTCAGGACCTGCAGC
TGCCGCCGGGGTTCCGGTTCCACCCGACGGACGAGGAGCTGGTGATGCACTACCTCTGCCGCCGCTGC
GCCGGCCTCCCCATCGCCGTCCCCATCATCGCCGAGATCGACCTCTACAAGTTCGATCCATGGCAGCT
TCCCCGGATGGCGCTGTACGGAGAGAAGGAGTGGTACTTCTTCTCCCCGCGAGACCGCAAGTACCCGA
ACGGGTCGCGGCCGAACCGCGCCGCCGGGTCGGGGTACTGGAAGGCGACCGGCGCCGACAAGCCGGTG
GGCTCGCCGAAGCCGGTGGCGATCAAGAAGGCCCTCGTCTTCTACGCCGGCAAGGCGCCCAAGGGCGA
GAAGACCAACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGACGTCGACCGCTCCGCCCGCAAGAAGAACA
GCCTCAGGTTGGATGATTGGGTGCTGTGCCGGATTTACAACAAGAAGGGCGGGCTGGAGAAGCCGCCG
GCCGCGGCGGTGGCGGCGGCGGGGATGGTGAGCAGCGGCGGCGGCGTCCAGAGGAAGCCGATGGTGGG
GGTGAACGCGGCGGTGAGCTCCCCGCCGGAGCAGAAGCCGGTGGTGGCGGGGCCGGCGTTCCCGGACC
TGGCGGCGTACTACGACCGGCCGTCGGACTCGATGCCGCGGCTGCACGCCGACTCGAGCTGCTCGGAG
CAGGTGCTGTCGCCGGAGTTCGCGTGCGAGGTGCAGAGCCAGCCCAAGATCA

FIGURA 27
FIGURE 27

GCGAGTGGGAGCGCACCTTCGCCACCGTCGGGCCCATCAACCCCGCCGCCTCCATCCTCGAC
CCCGCCGGCTCCGGCGGCCTCGGCGGCCTCGGCGGCGGCGGCAGCGACCCCCTCCTCCAGGACATCCT
CATGTACTGGGGCAAGCCATTCTAGACGACCAAAAAAAAAAAAAAACAACCGCATTGGCAGCAATGGT
GTCACTGAACACCGTGCAGGCTAGCTAGCTTCATGGCCGGTGAACTTTGACTCAGGCGAGCCGCCGGA
GTTGACTCAAAGATAATTAAAAGAAGTGTTTTAAGTGGATTGGATTGGATTAGACAGAGGAGATGAGG
ACTCGAGAAAGGCGGCGATGAGACCGTGGTTGGGGGGACCCTGGCCTGGACTGAACGACGACGAGGCA
GCAGCAGAAAGATGGTGCAATTGCATCGGGTGGCATGTCAGTGTGTGTGTATAGTGGCATGTACATAG
TACATGGTGATTGATTCGGTATACAGGGGGCTAGCTTTCCTGTTTCTGTTTAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 53 - BAA89800.1 - Oryza sativa

MSGGQDLQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRRCAGLPIAVPIIAEIDLYKFDPWQLPRMALYGEKEWYFF
SPRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPVGSPKPVAIKKALVFYAGKAPKGEKTNWIMHEYRLADV
DRSARKKNSLRLDDWVLCRIYNKKGGLEKPPAAAVAAAGMVSSGGGVQRKPMVGVNAAVSSPPEQKPV
VAGPAFPDLAAYYDRPSDSMPRLHADSSCSEQVLSPEFACEVQSQPKISEWERTFATVGPINPAASIL
DPAGSGGLGGLGGGGSDPLLQDILMYWGKPF

SEQ ID NO: 54 - AB028184.1 - Oryza sativa

CCCCTCGAGGTCGACCCACGCGTCCGCTTCCATTAGCGACTAATCCAGCCTTCGTTAAGGGTGATTAG
AATTTGATTAATTTCAAGGCCTCAGATCGGAGATTGAATGGAGTGCGGTGGTGCGCTGCAGCTGCCGC
CGGGGTTCAGGTTCCACCCGACGGACGACGAGCTGGTGATGTACTACCTGTGCCGCAAGTGCGGCGGC
CTCCCCCTCGCCGCCCCGGTGATCGCCGAGGTGGACCTCTACAAGTTCAACCCATGGGATCTCCCCGA
GAGGGCGATGGGAGGGGAGAAGGAGTGGTACTTCTTCTCGCCGCGGGACCGGAAGTACCCGAACGGGC
AGCGGCCGAACAGGGCGGCGGGGACGGGGTACTGGAAGGCGACGGGGGCGGACAAGCCGGTGGGGTCG
CCGCGGGCGGTGGCGATCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACGCCGGGAAGCCGCCCAAGGGCGTCAAGAC
CAACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGACGTCGACCGCTCCGCCGCCGCCCGCAAGCTCTCCA
AGTCCTCCCACAACGCCCTCAGGTTGGATGATTGGGTGTTGTGCCGAATCTACAACAAGAAGGGAGTG
ATCGAGAGGTACGACACGGTGGACGCCGGCGAGGACGTGAAGCCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGAA
GGGTGGTCGCATCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGCGGCGATGAAGGTGGAGCTCTCCGACTATGGGTTCT
ACGACCAGGAGCCGGAGTCGGAGATGCTGTGCTTCGACCGGTCGGGGTCGGCGGACCGCGACTCGATG
CCGCGGCTGCACACCGACTCCAGCGGGTCGGAGCACGTGCTGTCGCCGTCGCCGTCGCCGGACGACTT
CCCCGGCGGCGGCGACCACGACTACGCCGAGAGCCAGCCCAGCGGCGGATGCGGCGGGTGGCCCGGCG
TCGACTGGGCCGCCGTCGGCGACGATGGCTTCGTCATCGACAGCTCCCTCTTCGAGCTGCCCTCGCCG
GCGGCGTTCTCCCGCGCCGCCGGCGACGGCGCCGCCTTCGGCGACATGTTCACGTACCTGCAGAAGCC
GTTCTAATTAACGGAACGTGACGCCTCTGCAAACGCTAATTAGCTCACTAACCACTGTCAGGTCGATC
GTGTAATTCTTTTACCAGTCTAGGGTACAGCCAAAAAACCAAAAATTAACCGTGCTCGATCGATCGAT
CGATCCATGGATCGATGATCGCCTCCACCGGCAGATCAAAATCGAAGCAAAAAATCAGGGAGAATTCT
TGGTACTTCCAGTACCTCTCGTCGACACCACGTGTCGGGTTTTCTGCACCGCGGATCCTCGCTGGCCG
CATCGTAACGGCGAGCGAGGTTAAAAATAGTGGAGAATTCAAGAACACATCCCTGATTTTTGTTTCTG
CCGGATGGGGAGTACCGTGAGCATGGTAGAAATGACTGGTAAAATTTTCGTTGATGATAG

FIGURA 27 (Cont.)

GTAGCCAGAGTCGATGTAACCAGTCGATTTTTTTTTTTTTGGTTTTAGTTGACATGCCTTCCTGATA
GATTCAGAACAAACAATAGAGAAGAGAGGAGAAAAAAACACAGAGGAGAAATTCAGAGACCAAAGTTC
AAAGTTTTGGAATTTTCAGGGGCGCCAGCAGCTGATGGTATTGTCAGTCGTGTCTAGGTTCGTAGAGG
AAATTAAAATGTAGAAGAACGGGTACTTCAGTTCACTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 55 - BAA89799.1 - Oryza sativa

MECGGALQLPPGFRFHPTDDELVMYYLCRKCGGLPLAAPVIAEVDLYKFNPWDLPERAMGGEKEWYFF
SPRDRKYPNGQRPNRAAGTGYWKATGADKPVGSPRAVAIKKALVFYAGKPPKGVKTNWIMHEYRLADV
DRSAAARKLSKSSHNALRLDDWVLCRIYNKKGVIERYDTVDAGEDVKPAAAAAAAKGGRIGGGGGAAA
MKVELSDYGFYDQEPESEMLCFDRSGSADRDSMPRLHTDSSGSEHVLSPSPSPDDFPGGGDHDYAESQ
PSGGCGGWPGVDWAAVGDDGFVIDSSLFELPSPAAFSRAAGDGAAFGDMFTYLQKPF

SEQ ID NO: 56 - AK107330.1 - Oryza sativa

ATCCTCCACAAGAGAAACTAGGATCTTCAAGTATAGCTAGCATTGCGCCCTCATTTCATCCATGGCAA
TGCAGCTGTCCTTGCCTGTCTTGCCAACGGGTTTTCGTTTCCATCCAACCGATGAGGAACTAGTCATC
AACTACCTCCAGAGGCGTGCTACCGGGCTATCGTGCCCCATCCCCATAATCGCGGATGTCGAAATATA
CAACTTCAACCCGTGGGAGCTTCCATCCATGGCTCTATTTGGGGAACATGAGTGGTACTTTTTTACAC
TACGCGACCACAGGTACCCCAATAGTGTGCGCCCTAGTCGCTCAGCGGCGTCAGGCTTTTGGAAGGCC
ACCGGCACTGACAAGCCCGTCCAAGTTGCTAACATGCAAAGCACTCCTGTAGCTATGAAGAAGGCACT
TGTATTCTATGTTGGCCGCCCGCCCATGGAAACCAAGACTACATGGATCATGCATGAGTACCGTCTCA
CAAACACGGGAGGGTCCACTGCCTCCCACCCATCCTTGTCTTCATCCACCGCACACCCTTCTGTGAAG
CTAGACGAGTGGGTGCTATGCAAGATCTTCAACAAGTCCCCAGAGCCGGACAACACCGCACCACCATC
AAACGTCGTCTCACGGTTACAGTGCTCGCCGCCGCTGCCGCCGCCGGCGGCACCGCCCGGCAACTACC
CGCCGCTGCCGGTGGGTGCGACGAACGACGGCGGCGTGTTCGCCTGCGCCGGCGACATGCTCTTCACC
ATCCAAGAGCACCAGGAGGGAACACCATCGATGCTGCCGCCGATCCCTAACCTTGAGCCACCGGCGGC
AACAATTGGGAATTCCTCTCTCAATGGCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGATGGCCATGGCCGCC
TTGAGGAAGAGGACACCAGCGCCTACACCTTCACCGACCAGGAAATGGAGCAGATGCTCATGGACCTG
ATGGACCAGGATTTCTTTGGCAATGATCAACCCCAGGAGTGAACTGTGTGGTGGAGTGATTTTCATAT
CATTCCATAGCTCTGATCTGTGCTGGAGAGTGAATTTAGTATCTATTGTACCAGATAGAATAAAACCA
GAAAAGAAATAAAAGAAGGCCAAAGAAAAAAGCAAAAAGAAAATTGTATAATTACTAGGTTTGGATGC
CGTCTGTAGAACCTTGTGTGCTATGTAACTTTTTTCTTTGTATTTTGGCATTTTCATCATATTGTGTC
ATAAATAAAGCAGGGCTTTCTTTTGTAGTTTGCCATCTCAATCTTGCACCGTGATGTTATAAAAAAAC
AAAATTAATTATTGTGCTACACTGTACTTTTGGCTGTGTTCGGC

SEQ ID NO: 57 - AK107330.1 - Oryza sativa

MAMQLSLPVLPTGFRFHPTDEELVINYLQRRATGLSCPIPIIADVEIYNFNPWELPSMALFGEHEWYF
FTLRDHRYPNSVRPSRSAASGFWKATGTDKPVQVANMQSTPVAMKKALVFYVGRPPMETKTTWIMHEY
RLTNTGGSTASHPSLSSSTAHPSVKLDEWVLCKIFNKSPEPDNTAPPSNVVSRLQCSPPLPPPAAPPG
NYPPLPVGATNDGGVFACAGDMLFTIQEHQEGTPSMLPPIPNLEPPAATIGNSSLNGTAAAAAAADGH
GRLEEEDTSAYTFTDQEMEQMLMDLMDQDFFGNDQPQE

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 58 - AK069257.1 – Oryza sativa

atgccgagcagcggcggcgccatgcctgcccttccaccaggcttccgcttccaccccaccgacgagga
gctcatcgttcactacctcatgaaccaggccgcctccgtcaagtgccccgtgccaatcatcgccgagg
tcaacatctacaagtgcaacccatgggaccttcctggtaaggctttgttcggcgagaacgaatggtac
ttcttcagcccgagggaccgcaagtaccccaacggcgctcgccccaaccgcgccgccggctcggggta
ctggaaggccaccggcaccgacaagtccatcctctccactccgaccagcgacaacatcggcgtcaaga
aggccctcgtcttctacaagggcaagcctcccaagggcgtcaagaccgactggatcatgcacgagtac
cgtctcaccggcacatcagctaacagcaccaccaccacaaagcagcgtagagcgtcatccatgaccat
gaggctggacgactgggtgctgtgcagaatccacaagaagagcaacgacttcaattcctctgaccaac
acgaccaagaacccgaggaatcaaccgtcgaacagcttgaagacatccatgacaacaactcctctgaa
caacctccagctccagctgacatgaacaaccaacagtcagatttccagcccatgacggcgatgagcat
gagcaagtcatgctccctcaccgatctcctcaacaccatcgactgcgccgcgctctcgcagtttctcc
tcgacggctcatccgacgccatcgctgagcctcctgctcctcccagccccctaatatacacaacacct
catccaaattaccaaacactaaactataacattaacagcaacagcagcatgccacacgccttcgagtc
acgcctagatcatcacgatggttacgttaacaattataatgttaatggcctgaggaggaagagaatga
tggcgtgtagtgcaacttcctttgatgatggcagcagcagcaatgactttgtgcatgccgttgtcaag
aaaccgcagctgctgccaagtgattcgaggggtagtggttttggaggaggttactgcaaccagcagct
ttcagagactgcgactggctttcagtttcagaacggcaatctgctgagccatccatttcctctgaaca
atcatctgcagatgcagtag

SEQ ID NO: 59 - AK069257.1 – Oryza sativa

MPSSGGAMPALPPGFRFHPTDEELIVHYLMNQAASVKCPVPIIAEVNIYKCNPWDLPGKALFGENEWY
FFSPRDRKYPNGARPNRAAGSGYWKATGTDKSILSTPTSDNIGVKKALVFYKGKPPKGVKTDWIMHEY
RLTGTSANSTTTTKQRRASSMTMRLDDWVLCRIHKKSNDFNSSDQHDQEPEESTVEQLEDIHDNNSSE
QPPAPADMNNQQSDFQPMTAMSMSKSCSLTDLLNTIDCAALSQFLLDGSSDAIAEPPAPPSPLIYTTP
HPNYQTLNYNINSNSSMPHAFESRLDHHDGYVNNYNVNGLRRKRMMACSATSFDDGSSSNDFVHAVVK
KPQLLPSDSRGSGFGGGYCNQQLSETATGFQFQNGNLLSHPFPLNNHLQMQ

SEQ ID NO: 60 - AY625683.1 - Triticum aestivum

ACGAGGCACTCGCCCCAATCTCGAACAACGGCCGTCGGATCCATCATCATCGGCAGCGGAGCGATTCC
ATCGACCAGCTTTCTACAGACGGACATGGGGATGCCGGCCGTGAGGAGGAGGGAGAGGGACGCGGAGG
CGGAGCTCAACCTGCCCCCCGGCTTCCGCTTCCACCCCACCGACGACGAGCTCGTCGAGCACTACCTC
TGCCGCAAGGCGGCGGGGCAGCGCCTCCCGGTCCCCATCATCGCCGAGGTCGACCTCTACCGCTTCGA
CCCCTGGGCGCTCCCTGACCGCGCCCTCTTCGGCACCCGCGAGTGGTACTTCTTCACCCCCCGCGACC
GCAAGTACCCCAACGGCTCCCGACCCAACCGCGCCGCCGGCAACGGCTACTGGAAGGCCACCGGCGCC
GACAAGCCCGTCGCGCCCCGCGGCGGGCGGACCATGGGGATCAAGAAGGCCCTCGTGTTTTACGCGGG
CAAGGCGCCTAAGGGGGTCAAGACCGACTGGATCATGCATGAGTATCGCCTCGCCGACGCCGGCCGCG
CCGCCGCCAGCAAGAAGGGCTCGCTCAGGCTGGACGACTGGGTGCTCTGCCGGCTCTACAACAAGAAG
AACGAGTGGGAGAAGATGCAGCTGCAGCAGCAAGGGGAAGAGGAGACGATGATGGAGCCCAAGGCGGA
GA

FIGURA 27 (Cont.)

ACACGGCCTCCGACATGGTGGTCACCTCGCACTCCCACTCGCAGTCCCAGTCGCACTCGCACTCGTGG
GGCGAGGCGCGCACGCCGGAGTCGGAGATCGTCGACAACGACCCGTCGCTGTTCCAGCAGGCGACGGC
GGCGGCGTTCCAGGCCCAGAGCCCCGCGGCCGCCGCGGCGCACCAGGAGATGATGGCCACGCTGATGG
TGCCCAAGAAGGAGGCGGCGGACGAGGCCGGCAGGAACGACCTCTTCGTCGACCTCAGCTACGACGAC
ATCCAGAGCATGTACAACGGCCTCGACATGATGCCGCCCGGGGACGACCTGCTCTACTCCTCCCTCTT
CGCCTCCCCCCGTGTCCGCGGGAGCCAGCCCGGCGCCGGCGGCATGCCGGCCCCGTTCTAAGCAGAGC
AAAGACAGAGACCGTCAGAGACCCCGAGATCGACAGAAGTGGAATGGACGACTTCTTGGCCGCGAGCG
AGCGAGACCGCGGTGCAGTGTAAATACAGCATAGGAAACGGGAGGGAGGGAGGTGGCGTCGTGTCGAG
AGAAGCCGGCGTCGTGCCGGGGCGTGCCGTTGTACATGGAGAGCCCGGCGCCGGGGCCTGGCCGGCTG
GGTTGATTCTTTTGTTCTTACTACCTTGTACTCTCAATGCGGATGTAGCTCTTTCTTCTCACTCCTCA
CTAGTAGAATCGACCGACCGAATACATATGTAGCTCTGTTCTTTCCTTCTCTTCAGTAGAAATCAACC
AAATTTTGCTGTTATGCTGC

SEQ ID NO: 61 - AAU08786.1 - Triticum aestivum

MGMPAVRRRERDAEAELNLPPGFRFHPTDDELVEHYLCRKAAGQRLPVPIIAEVDLYRFDPWALPDRA
LFGTREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGNGYWKATGADKPVAPRGGRTMGIKKALVFYAGKAPKGVKT
DWIMHEYRLADAGRAAASKKGSLRLDDWVLCRLYNKKNEWEKMQLQQQGEEETMMEPKAENTASDMVV
TSHSHSQSQSHSHSWGEARTPESEIVDNDPSLFQQATAAAFQAQSPAAAAAHQEMMATLMVPKKEAAD
EAGRNDLFVDLSYDDIQSMYNGLDMMPPGDDLLYSSLFASPRVRGSQPGAGGMPAPF

SEQ ID NO: 62 - AY103772.1 - Zea mays

GCACGAGGAACCCGCCCACAGGACAGGACACACAGAGCCGAGCCACCCCACCCACCATCGGCGACCAG
CAGCCAGCCGCGGGAGCGAGCTGTTTAAAGACACCGAGTCGGAGTCGGACGGAGGACTGGCAGGCACA
ACCGAAGCCACCGCTTCTAGTTCTCGGGTTCATCGCCAGCAATCCAGACCACATAATGGGACAGCCGG
TGACGAGGAGGAGGGAGAGGGACGCGGAGGCGGAGCTGGACCTGCCGCCGGGGTTCCGGTTCCACCCC
ACAGACGACGAGCTGGTGGAGCACTACCTGTGCCGCAAGGCGGCGGGGCAGCGCCTCCCCGTGCCCAT
CATCGCCGAGGTGGACCTGTACAGGTTCGACCCGTGGGACCTGCCGGAGCGCGCGCTCTTCGGGGCCC
GGGAGTGGTACTTCTTCACGCCCAGGGACCGCAAGTACCCCAACGGCTCCCGCCCCAACCGCGCCGCC
GGCGACGGGTACTGGAAGGCCACCGGCGCCGACAAGCCCGTCGCGCCGCGCGCCGCCGCCGCCGACGC
CCGCACGCTCGGGATCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACGCCGGCAAGGCGCCGCGCGGGGTCAAGACAG
ACTGGATCATGCACGAGTACAGGCTCGCTGACGCCGGCGGACGCGCCAAGAAGGGGTCGCTCAGGTTG
GATGACTGGGTGCTGTGCCGGCTGTACAACAAGAAGAACGAGTGGGAGAAGATGCGGCTGGGGAAGGG
GGCAGCCGCCGGCGCAGTCAAAGAGGAGGAGGCCATGGACATGAGCACCTCCCACTCGCAGATCACCC
ACTCGTGGGGCGAGACGCGCACGCCGGAGTCGGAGATCGTGGACAACGACCTGCCGTTCCCGGATCCG
GCGATGATGGTGCCCAAGAAGGAGCGGGTGGACGACGGCGGCAGCGCCAGGACCAGCGACCTGTTCGT
GGATCTCAGCTACGACGACATCCAAGGCATGTACAGCGGCCTCGACATGCTGCCGCCGGCCGGCGAGG
ACTTGTACTCCTCGCTCTTCGCGTCGCCCAGGGTCAGGGGGAACCAGCCCACCGGACCCGCGGNGTTG
GGCCCCTTCTGAGTGAGCTCAGGCGAAGATGGAGGCATGGAGATCAGGAGAGA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 63 - AY103772.1 - Zea mays - translation

MGQPVTRRRERDAEAELDLPPGFRFHPTDDELVEHYLCRKAAGQRLPVPIIAEVDLYRFDPWDLPERA
LFGAREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGDGYWKATGADKPVAPRAAAADARTLGIKKALVFYAGKAPR
GVKTDWIMHEYRLADAGGRAKKGSLRLDDWVLCRLYNKKNEWEKMRLGKGAAAGAVKEEEAMDMSTSH
SQITHSWGETRTPESEIVDNDLPFPDPAMMVPKKERVDDGGSARTSDLFVDLSYDDIQGMYSGLDMLP
PAGEDLYSSLFASPRVRGNQPTGPAXLGPF

SEQ ID NO: 64 - AJ010829.1 - Triticum aestivum

AATTCGGCACGAGACAGTCCACCACGCACGTGCAGCAGCACCAGCGCCCGAGAATCCCATTCCCATCG
ACGGAGAAGAAGAAGTGAAGAAACAATGGTGATGGCAGCGGCGGAGCGGCGGGACGCGGAGGCGGAGC
TGAACCTGCCGCCGGGGTTCCGGTTCCACCCGACGGACGAGGAGCTGGTGGCGGACTACCTCTGCGCG
CGCGCGGCCGGCCGCGCGCCGCCGGTGCCCATCATCGCCGAGCTCGACCTCTACCGGTTCGACCCGTG
GGAGCTCCCGGAGCGGGCGCTCTTCGGGGCGCGGGAGTGGTACTTCTTCACGCCGCGGGACCGCAAGT
ACCCCAACGGCTCCCGCCCCAACCGGGCCGCCGGGGGCGGCTACTGGAAGGCCACCGGCGCCGACAGG
CCCGTGGCGCGCGCGGGCAGGACCGTCGGGATCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACCACGGCAGGCCGTC
GGCGGGGGTCAAGACGGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGGCGCCGACGGACGCGCCGCCA
AGAACGGCGGCACGCTCAGGCTTGACGAATGGGTGCTCTGCCGCCTATACAACAAGAAGAACCAGTGG
GAGAAGATGCAGCGGCAGCGGCAGGAGGAGGAGGCGGCGGCCAAGGCTGCGGCGTCACAGTCGGTCTC
CTGGGGTGAGACGCGGACGCCGGAGTCCGACGTCGACAACGATCCGTTCCCGGAGCTGGACTCGCTGC
CGGAGTTCCAGACGGCAAACGCGTCAATACTGCCCAAGGAGGAGGTGCAGGAGCTGGGCAACGACGAC
TGGCTCATGGGGATCAGCCTCGACGACCTGCAGGGCCCCGGCTCCCTGATGCTGCCCTGGGACGACTC
CTACGCCGCCTCGTTCCTGTCGCCGGTGGCCACGATGAAGATGGAGCAGGACGTCAGCCCATTCTTCT
TCTGAGCTCTCAATACTCTCACGGTCGCACTGTTGTGTGCGGCGTAACTGTAGATAGTTCACATTTGT
TCAGGATTTATTTGTAACGTTGCTTCTTTTATACGATACTCTCTTCCTTTCTAAAAAAAAAAAAAAAA
AA

SEQ ID NO: 65 - CAA09371.1 - Triticum aestivum

MVMAAAERRDAEAELNLPPGFRFHPTDEELVADYLCARAAGRAPPVPIIAELDLYRFDPWELPERALF
GAREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGGGYWKATGADRPVARAGRTVGIKKALVFYHGRPSAGVKTDWI
MHEYRLAGADGRAAKNGGTLRLDEWVLCRLYNKKNQWEKMQRQRQEEEAAAKAAASQSVSWGETRTPE
SDVDNDPFPELDSLPEFQTANASILPKEEVQELGNDDWLMGISLDDLQGPGSLMLPWDDSYAASFLSP
VATMKMEQDVSPFFF

SEQ ID NO: 66 - NM_186659.2 - Oryza sativa

CATCCAACAACCCACCACCCTCATTCCCTCAAGTCCCAAGATCGAACACCTCGTGTCCATGGCGGCGG
CGAAGCGGCGAGTGCGCGACGCGGAGGCGGACCTGAACCTCCCGCCGGGCTTCCGCTTCCACCCCACC
GACGAGGAGCTGGTGGCGCACTACCTCTGCCCGCGCGCCGCGGGCCGCGCCGCCCCGGTCCCCATCAT
CGCCGAGCTCGACCTCTACCGCCACGACCCATGGGACCTCCCCCACCGCGCCCTCTTCGGCCGCCGCG
AGTGGTACTTCTTCACCCCGCGCGACCGCAAGTACCCCAACGGCTCCCGCCCCAACCGCGCCGCCGCC
TCGGGCTACTGGAAGGCCACCGGCGCCGACAA

FIGURA 27 (Cont.)

GCCCGTGCTGCACAACGGCAGGACGGCCGGGATCAAGAAGGCGCTCGTGTTCTACCACGGCAAGCCCC
CCCGCGGCGTCAAGACGGAGTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCAAGAAGGGCGGCGCCGCCGCC
GCCGCGGGCGCGGGCGCGCTCAGGCTGGATGACTGGGTGCTGTGCCGGCTGTACAACAAGAAGAACGA
GTGGGAGAAGATGCAGAGCAGGAAGGAGGAGGAGGAGGCCATGGCGGCGGCGCAGTCGTGGGGGGAGA
CGCGGACGCCGGAGTCGGAGGTCGTCGACAGCGACGCGTTCCCGGAGATGGACTACTCGCTGCCGGCG
GCGTCGTTCGACGACGCCCTGCTGCCCAAGGAGGAGGCGCGCGACGACGACTGGCTCATGGGGATGAG
CCTCGACGACCTCCAGGGCCTCGGCTCGCTGCTGCAGGCCGACGACCTCTCCATGCTCGCGCCGCCGC
CGGCGGCGAAGACGGAGCCGCTCGGCGCGCCATTCTTCTGAGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
CTCTCTGTGACTGCACCACTGTATATAAATTCAGAGTTTTCAGACATGTTCAGTATTCAGAGTTCTCA
GGCAAGTTCAGAATTCAGAGATGGTTAAGGATTAGTGGCTTATGAGCAGTATGATATGCAGGTTAGTT
TCTAGTTTAGCAGTGTTACTCCAGATTGGAGATTTGATTAATGATTTGATTCTAATTAATGTAGTATA
CTGAGTGTTACTCATCATCACAGATTCATCAGAGCTGTGTCAAGTGACAATTCTTTTTTTTTTTATTT
CCTGGATCAAGTTCACCATGTTGTGCTCAAGATTTGTGGATAAATGCACATCCATCCTTGAATTGGC

SEQ ID NO: 67 - NP_911548.1 - Oryza sativa

MAAAKRRVRDAEADLNLPPGFRFHPTDEELVAHYLCPRAAGRAAPVPIIAELDLYRHDPWDLPHRALF
GRREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAASGYWKATGADKPVLHNGRTAGIKKALVFYHGKPPRGVKTEWI
MHEYRLAKKGGAAAAAGAGALRLDDWVLCRLYNKKNEWEKMQSRKEEEEAMAAAQSWGETRTPESEVV
DSDAFPEMDYSLPAASFDDALLPKEEARDDDWLMGMSLDDLQGLGSLLQADDLSMLAPPPAAKTEPLG
APFF

SEQ ID NO: 68 - DQ267442.1 - Elaeis guineensis

AGGCAGAAATCTCACCGCCGCCTCAGCCATTTCTAAAGCTTGGTACAAGGAACGGTAATCCTCCAGGC
AATCGAGTTGCGAGGACGCTGACAATGGGGAGCAGGAGAAGAGATGCTGAGGCGGAGCTCAACCTGCC
GCCGGGATTCCGGTTCCACCCGACCGACGAGGAGCTCGTCGTTCATTACCTCTGCAAGAAGGTGGCCT
GCCAGCGCCTGCCCGTGCCCATCATCGCCGAGGTCGATCTCTACAAATATGACCCATGGGATCTGCCA
GAGAAGGCGTTGTTCGGGCTAAAAGAGTGGTATTTCTTCACCCCTCGTGATCGAAAGTACCCGAATGG
CTCGAGGCCTAACAGGGCCGCCGGGAGGGGGTACTGGAAGGCGACCGGTGCTGATAAACCCGTGACCC
CGAAGGGGAGCAGTAGGCCTCTCGGGATCAAGAAAGCCTTGGTGTTTTACTCTGGGAAGGCACCAAGA
GGAGTGAAGACTGATTGGATCATGCATGAGTACAGGCTTGCCGACACGAACCGAGCAGCCAACAAGAA
GGGAAGCCTAAGGCTTGATGACTGGGTTCTTTGCCGGTTGTACAACAAGAAGAACACCTGGGAGAAGA
TGCAGCAACAAAAGGAGGCAGCATCGTTTGGAGAGACGATGGATTCTGTGGATGACACAGGATCGGAC
AGCTTCAGAACACCCGAATCGGACATAGATAACGATGTCATGTTCCCGGACTTTGACGATATGGCTCA
GGTTGGAGCTCACCCACCTCAAGCTTTCAATGGAATGCAAGGAGTACGAGTCAACAATATAACTGGGT
ATCAGCCAGCAATAGAGCAGCGTCCAAAAGAGGAGAATGACTGGTTCACGGACCTGAATCTGGATGAC
TTCCACAGTACATGCATGGCTTTTGGATCAACACCTGCTCTCGATATGTCGGACCATGATTACTACTA
CTCAAACCTTCCACAACTGAGATCAAACCAGAGTGACCTGCTACCCTTCTAAAGCTACGAATCCCAGC
TGTATATAAGTGAAAATAGGCAGGAGGTGACAATCTAGTGGTAGAACTCTGTAGGATTCTTTTGTTTC
CACCAATTTTATATAGGTAAATCCATTCATAAGCAAGGGACAGTCGCTGATGTACATATGATAATATT
ATTTTGTGGTAGACCTTCTGTT

FIGURA 27 (Cont.)

TGAATTAGTTTTACAAATTTTGAGCATTGTCTAGTGGTAGAATATCTTCGTTTCGATTACAGAAACTT
GCCTCAGCAACAGGAAACATATTCCACACACACACACACACAAAAAAAGAAAAGCAGCAGCAGGAATC
AGAATAAGTTATAGATGGTGGGATAATCTTAAGTGACAGTATATAACACTGCGCACAAAAAGGTGGAC
AGTGAGAACTCAAAGGAGAATCAGCCGTGGCATGCGGTCATAGTTATTCGTTCAGAGAGACAGTTTAT
AGCATCTGCTTGGGATCTTTGTTTAGTGCGACACAACCAACAGTAGGAACAAAGAATATCTGTGGACA
TCCACAAGTCCAGGGTAGTATCGAGGAAACAAGCAACGTTGTGTCGATTTGACAAGAGTGACCCTCCA
AATGTTAAGTTTTCTGGAAGAGGGGAAAGAAGTGGAAGCATAAGCGCATGCATAAGCAAGCACATCAC
CAGCGAAAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 69 - ABB72844.1 - Elaeis guineensis

MGSRRRDAEAELNLPPGFRFHPTDEELVVHYLCKKVACQRLPVPIIAEVDLYKYDPWDLPEKALFGLK
EWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGRGYWKATGADKPVTPKGSSRPLGIKKALVFYSGKAPRGVKTDWIM
HEYRLADTNRAANKKGSLRLDDWVLCRLYNKKNTWEKMQQQKEAASFGETMDSVDDTGSDSFRTPESD
IDNDVMFPDFDDMAQVGAHPPQAFNGMQGVRVNNITGYQPAIEQRPKEENDWFTDLNLDDFHSTCMAF
GSTPALDMSDHDYYYSNLPQLRSNQSDLLPF

SEQ ID NO: 70 - AB028183.1 - Oryza sativa

GCAGCATCAACAAAGGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCGTTGGTGGTGGTGGTGTGTCATCA
CCAACATTTTCACGAGAGGAGAAGGATGGAAATGGCGGCGGCGGTTGGGGGCAGCGGGAGGAGGGACG
CGGAGGCGGAGCTGAACCTGCCGCCGGGCTTCCGTTTCCACCCGACCGACGAGGAGCTCGTGGTGCAC
TACCTCTGCCGCAAGGTTGCCCGGCAGCCGCTCCCCGTCCCAATCATCGCCGAGGTCGACCTCTACAA
GCTCGACCCCTGGGATCTCCCTGAGAAGGCGTTGTTCGGGAGGAAAGAGTGGTACTTCTTCACGCCGA
GGGACCGGAAGTACCCGAACGGGTCGAGGCCGAACCGCGCAGCGGGGAGAGGGTACTGGAAGGCGACG
GGAGCCGACAAGCCGGTGGCGCCCAAGGGGAGCGCGAGGACGGTGGGGATCAAGAAGGCGCTCGTGTT
CTACTCCGGGAAGGCGCCGAGGGGGGTCAAGACGGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGACG
CCGACCGCGCCCCGGGCGGCAAGAAGGGCTCACAGAAGCTGGACGAGTGGGTGCTGTGCCGGCTGTAC
AACAAGAAGAACAACTGGGAGAAGGTGAAGCTGGAGCAGCAGGACGTGGCCTCCGTGGCGGCGGCGGC
GCCGCGCAACCACCACCATCAGAACGGCGAGGTCATGGACGCGGCGGCGGCTGACACCATGTCCGACA
GCTTCCAGACGCACGACTCCGACATCGACAACGCCTCCGCCGGCCTGCGGCACGGTGGCTGCGGCGGC
GGCGGCTTCGGCGACGTGGCGCCGCCGAGGAATGGGTTCGTGACGGTGAAGGAGGACAACGACTGGTT
CACCGGCCTCAACTTCGACGAGCTGCAGCCGCCGTACATGATGAACCTGCAGCACATGCAGATGCAGA
TGGTGAATCCGGCGGCGCCAGGGCACGACGGCGGCTACTTGCAGTCCATCAGCTCGCCGCAGATGAAG
ATGTGGCAGACAATCCTGCCACCATTCTGAGATGGATGGAGCAAGAAAAAGGTTGCTGTAGATAAAGG
GCGGAAATAGGAGTGATGGCTAGAAAATTATTAGATTTACTAGAACGAAAATGATTAGAAATCTGGCA
AGCATGATTCTGCAAATGTGGTGGTAGATGCTTGCAGTATGTAATTCATTTGTTCAGTATATGCATTT
GGTAATCTGCAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 71 - BAA89798.1 - Oryza sativa

MAAAVGGSGRRDAEAELNLPPGFRFHPTDEELVVHYLCRKVARQPLPVPIIAEVDLYKLDPWDLPEKA
LFGRKEWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGRGYWKATGADKPVAPKGSARTVGIKKALVFYSGKAPRGVK
TDWIMHEYRLADADRAPGGKKGSQKLDEWVLCRLYNKKNNWEKVKLEQQDVASVAAAAPRNHHHQNGE
VMDAAAADTMSDSFQTHDSDIDNASAGLRHGGCGGGGFGDVAPPRNGFVTVKEDNDWFTGLNFDELQP
PYMMNLQHMQMQMVNPAAPGHDGGYLQSISSPQMKMWQTILPPF

SEQ ID NO: 72 - DQ028770.1 - Glycine max

TTCCAGAGTTGGTGTTAGTCTTGGTGTAGTGTAGCTAGGGAGGGATATATATCTGAGTAAGATGGCAT
CAGAGCTTGAATTGCCCCCAGGCTTCAGATTCCATCCAACGGACGAGGAGCTGGTGTTGCACTATCTC
TGCCGCAAATGCGCGTCGCAGCCAATCGCCGTTCCCATCATCGCCGAAATCGACCTCTACAAATACGA
CCCCTGGGACTTACCCGGATTGGCTACTTATGGAGAGAAAGAGTGGTACTTCTTTTCACCACGGGACC
GGAAATACCCAAACGGTTCGAGGCCGAACCGGGCGGCTGGCACCGGTTACTGGAAGGCAACCGGGGCG
GATAAGCCCATTGGTCAGCCCAAACCGGTTGGGATTAAAAAAGCTTTGGTGTTTTACGCAGGGAAAGC
TCCTAAAGGGGACAAAAGCAATTGGATCATGCACGAGTATCGTCTCGCAGACGTAGATCGCTCCGTTC
GCAAAAAGAACACCCTAAGGTTGGATGATTGGGTGCTTTGCCGTATTTACAACAAGAAGGGCACGATC
GAGAAACTGCAACCAAGCAGCGATGTTGCTCATAGCCGAAATATCGAATCCTCGGAGATCGAAGACAG
GAAGCCGGAGATTCTGAAAAGCGGAGGAGGTTGTCTTCCGCCGCCTGCGCCGGTGCCTGCGCCGCCGC
AAGCGACGGCGAAGACGGATTACATGTACTTCGACCCGTCGGATTCAATCCCGAAGCTGCACACGGAC
TCGAGCTGTTCGGAGCAGGTGGTATCGCCGGGATTCGCGAGCGAGGTGCAAAGCGAGCCCAAGTGGAA
CGAGTGGGAGAAAAGCCTCGAATTTCCATTTAATTACGTGGATGCCACTCTCAACAACAGCTTCATGG
CCCAATTCCAGGGCAATAATCAGATGTTGTCGCCGCTGCAGGACATGTTCATGTACTGGCCCAACAAG
TCCTTTTGAGCACATCATGATGGTTTTAAATTACGATCCACAATTGCTCTTAAGATTTTCTGACTCAC
CATGCGACCACAATCGTAATTTAAAACCATGTCACATAAAATCCACGCGCGCCGCCCATTCGCATTTG
CACGGTAGCACGAGACTCAAGGTCCATGAGTGTGCCTGTAA

SEQ ID NO: 73 - AAY46122.1 - Glycine max

MASELELPPGFRFHPTDEELVLHYLCRKCASQPIAVPIIAEIDLYKYDPWDLPGLATYGEKEWYFFSP
RDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPIGQPKPVGIKKALVFYAGKAPKGDKSNWIMHEYRLADVDR
SVRKKNTLRLDDWVLCRIYNKKGTIEKLQPSSDVAHSRNIESSEIEDRKPEILKSGGGCLPPPAPVPA
PPQATAKTDYMYFDPSDSIPKLHTDSSCSEQVVSPGFASEVQSEPKWNEWEKSLEFPFNYVDATLNNS
FMAQFQGNNQMLSPLQDMFMYWPNKSF

SEQ ID NO: 74 - AY498713.1 - Lycopersicon esculentum

GGCACGAGCAAAGCAGGAGCAGGAGCAGCAACAAACAGAGAGAAGAAAACAGAGGAAGATAAGAGGAA
AATTTATCGAATTCGAATCGAGAGAAAAGGGGAAGTGAAGTTGCGAAGAGTGAGAATTTCAAAGGAAA
TGAACAAAGGAGCAAACGGAAATCAGCAATTGGAGTTACCGGCGGGATTCAGATTCCATCCGACAGAC
GACGAATTGGTGCAGCACTATCTCTGCAGGAAATGCGCCGGACA

FIGURA 27 (Cont.)

GTCGATTGCTGTATCAATTATAGCTGAAATTGATCTTTACAAGTTTGATCCATGGCAGTTGCCTGAGA
AGGCTTTGTACGGTGAAAAAGAGTGGTATTTTTTCTCACCAAGGGATAGAAAATATCCGAACGGTTCA
CGGCCGAACCGAGCAGCAGGAACCGGTTATTGGAAGGCAACCGGAGCTGATAAACCGGTGGGAAAACC
CAAAACCTTAGGGATAAAGAAGGCACTTGTGTTCTATGCCGGAAAAGCACCCAGAGGTATAAAAACAA
ATTGGATTATGCACGAGTACCGCCTCGCCAACGTGGACCGCTCTGCTGGCAAGAACAATAACTTGAGG
CTTGATGATTGGGTATTGTGTCGAATATACAACAAGAAAGGCACACTTGAGAAGCATTACAATGTGGA
CAACAAGGAAACTACAAGCTTTGGAGAATTTGATGAAGAAATAAAACCAAAAATATTGCCCACACAAT
TAGCACCGATGCCACCACGGCCTCGATCGACACCAGCAAACGACTACTTTTATTTCGAGTCATCAGAG
TCGATGACTAGAATGCACACGACAAACTCGAGCTCTGGCTCAGAGCATGTCTTGTCGCCATGTGACAA
GGAGGTTCAGAGCGCGCCCAAATGGGACGAAGACCACAGAAACACCCTTGATTTTCAGCTAAACTATT
TGGATGGTTTACTAAATGAACCATTTGAAACCCAAATGCAGCAGCAAATTTGCAACTTTGACCAGTTC
AACAATTTCCAAGACATGTTCCTATACATGCAAAAACCTTACTAAAATTGTATAAATTCATTGGATCT
AAATTGAGTGTGATCCATGACATTTTCTTTGTTCTTTGGTGGTGTAGGTCAACTTTTTATTAAGTAGT
TTAGAGAAGTACAAAATGCTAGTCAAATTTGGTGGGCTACAGCACAAATGAGCCTTGATAAGCATAGC
CAAAGAGTCGTATAGAAGGGCTTATTATTATTGTAAGGTATGTAAAAACAAATGAAAATTTGTTAATA
TCAAGTTATCATTCTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 75 - AY498713.1 - Lycopersicon esculentum

MNKGANGNQQLELPAGFRFHPTDDELVQHYLCRKCAGQSIAVSIIAEIDLYKFDPWQLPEKALYGEKE
WYFFSPRDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPVGKPKTLGIKKALVFYAGKAPRGIKTNWIMHEYR
LANVDRSAGKNNNLRLDDWVLCRIYNKKGTLEKHYNVDNKETTSFGEFDEEIKPKILPTQLAPMPPRP
RSTPANDYFYFESSESMTRMHTTNSSSGSEHVLSPCDKEVQSAPKWDEDHRNTLDFQLNYLDGLLNEP
FETQMQQQICNFDQFNNFQDMFLYMQKPY

SEQ ID NO: 76 - AY245883.1 - Brassica napus

CGAAGAAAAGAGAAGACTTTTGAAAAAAAAAATGAAAGCAGGGCTAAACTTACCAGCAGGATTCCGAT
TCCACCCAACGGACGAAGAGCTTGTGCAATTCTACCTTTGCCGGAAATGCGCATCGGAGGAGATCTCA
GCTCCGGTCATCGCCGAAATCGATCTCTACAAGTTCAACCCCTGGGAGCTTCCTGAGATGTCTCTGTA
CGGAGAGAAAGAGTGGTACTTCTTCTCGCCACGAGACCGGAAATACCCAAACGGTTCGCGTCCTAACC
GGGCGGCGGGAACCGGTTATTGGAAAGCCACCGGAGCTGATAAACCGATCGGTAAACCGAAGACGCTG
GGTATTAAGAAAGCGCTCGTGTTCTACGCAGGGAAAGCTCCCAAAGGGATTAAGACGAATTGGATTAT
GCACGAGTATCGCCTCGCTAATGTGGACAGATCAGCTTCTGTTAACAAAAAGAACAACCTTCGACTTG
ATGATTGGGTGTTATGTCGAATCTACAACAAGAAAGGGACCATGGAGAAGTACTACCCTGCTGATGAG
AAACCGATGACCGTGACGGCGGCTTCATCGCCTTTCGATGCGTCGGACTCGACTTACCCGACGTTGCA
AGAGGATGACTCGAGCAGCTCGGGGGGTCGCGTGGTGTCGCCGGATGCGCGGGAGGTGCAGAGCGAGC
CTAAATGGGGGGAGTTTGAGAATGCTTTTGATGCTTCCATGTTCGGTGGTGGCTCCATGGACTTGCTG
CAGAGTGAAGATTTTGTGCCTCAGTTCTTGTACCAGCCTTCTTATGATTTCAACTCCT

FIGURA 27 (Cont.)

GGCAGGAGGATCCGCCGGAGCAGAAACCGTTCTTGAATTGGAGTTTTGCTCCACAGGGGTGAAAAAGG
AAGAGAGTGAAAGGTTTTTTGGTCTGTGTTGTGATATGTGTTAGAGAGAAGTTCTCAATCATCTTTTG
TTTCTTAGTAGTGAGAGAAAGATTGTAGAGTGTTGATAGTTTCTTAGCATCTTCAATGTTTCATTGGC
AGGTGAATTCTTGTTATTTCATCAGAAATTTATATGAAAAATTATACCTT

SEQ ID NO: 77 - AAP35052.1 - Brassica napus

MKAGLNLPAGFRFHPTDEELVQFYLCRKCASEEISAPVIAEIDLYKFNPWELPEMSLYGEKEWYFFSP
RDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPIGKPKTLGIKKALVFYAGKAPKGIKTNWIMHEYRLANVDR
SASVNKKNNLRLDDWVLCRIYNKKGTMEKYYPADEKPMTVTAASSPFDASDSTYPTLQEDDSSSSGGR
VVSPDAREVQSEPKWGEFENAFDASMFGGGSMDLLQSEDFVPQFLYQPSYDFNSWQEDPPEQKPFLNW
SFAPQG

SEQ ID NO: 78 - XM_475238.1 - Oryza sativa

ATGAGCGGCGGCGGCGAAGGGGCGGCGGCGGCGGAGAGGCAGGAGCTGCAGCTGCCGCCGGGGTTCAG
GTTCCACCCGACGGACGAGGAGCTGGTGATGCACTACCTCTGCCGGCGGTGCGCCGGCCTCCCCATCG
CCGTCCCCATCATCGCCGAGGTCGACCTCTACAAGTTCGATCCATGGCATCTCCCAAGAATGGCGCTG
TACGGCGAGAAGGAGTGGTACTTCTTCTCCCCTCGGGACCGCAAGTACCCGAACGGGTCGCGGCCGAA
CCGCGCCGCCGGGTCCGGGTACTGGAAGGCCACCGGCGCCGACAAGCCGGTGGGCACGCCGAGGCCGG
TGGCCATCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACGCCGGCAAGGCGCCCAAGGGCGACAAGACCAACTGGATC
ATGCACGAGTACCGCCTCGCCGACGTCGACCGCTCCGCCCGCAAGAAGAACACCCTCCGGCTAGATGA
TTGGGTCCTGTGCCGAATCTACAACAAGAAAGGCGGCGTGGAGAAGCCGAGCGGCGGCGGCGGCGGCG
AACGTTCGAATATGATGAGCCACGGGGAGACCGCGTCGGCGGGCTCGCCGCCGGAGCAGAAGCCGGCC
GTGCTGCCGCCGCCGCCACCGCCGTACGCGGCGGCGGCGCCGTTCTCGGAGCTGGCGGCGTTCTACGA
CGTGCGGCCGTCGGACTCGGTGCCGCGGGCGCACGGCGCGGACTCGAGCTGCTCGGAGCACGTGCTGA
CGACGTCGGCGTCGTCCGGCGGCGTCGTCGAGCGGCCGGAGGTGCAGAGCCAGCCCAAGATCGCCGAG
TGGGAGCGCACGTTCGCCGGCGCCGCCGCCCCGGCTGGCGCCGTCAGCACGGCCGGACCGATTCTGGG
CCAGCTCGACCCCGCCGCCGCCGTCGCCGGCGGCGGCGACCCGCTCCTCCAGGACATCCTCATGTACT
GGGGCAAGCCGTTCTGA

SEQ ID NO: 79 - XP_475238.1 - Oryza sativa

MSGGGEGAAAAERQELQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRRCAGLPIAVPIIAEVDLYKFDPWHLPRMAL
YGEKEWYFFSPRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPVGTPRPVAIKKALVFYAGKAPKGDKTNWI
MHEYRLADVDRSARKKNTLRLDDWVLCRIYNKKGGVEKPSGGGGGERSNMMSHGETASAGSPPEQKPA
VLPPPPPPYAAAAPFSELAAFYDVRPSDSVPRAHGADSSCSEHVLTTSASSGGVVERPEVQSQPKIAE
WERTFAGAAAPAGAVSTAGPILGQLDPAAAVAGGGDPLLQDILMYWGKPF

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 80 - AJ401151.1 - Solanum tuberosum

GGTCAAACAACTGAAACTAACAAAGCAGCAGCAGCAGCAACAAACAGAGAAGACAACAGAGGAAGATA
AACAAAGGAAATTAAGAGGGAGATTTATCGAATCGAAAGGGAAAGGGAAGTTACGAAGAGTGAGAATT
TGAAGGAAATGAACAAAGGAGCAACCGGAAATCAGCAATTGGAGTTACCGGCGGGATTCAGATTCCAT
CCGACAGACGACGAATTGGTGCAGCATTATCTCTGCAGGAAATGTGCCGGACAGCCAATTGCAGTATC
AATTATAACTGAAATTGATCTTTACAAGTTTGATCCATGGCAGTTGCCTGAAAAGGCTTTGTACGGTG
AAAAGGAGTGGTATTTTTTCTCACCAAGGGATAGAAAATATCCTAACGGTTCACGGCCGAACCGAGCA
GCAGGAACCGGTTATTGGAAGGCAACCGGAGCAGATAAACCGGTGGGAAAACCCAAAACATTAGGGAT
AAAGAAGGCACTTGTGTTTTATGCTGGAAAAGCACCTAGAGGAATAAAAACCAATTGGATTATGCATG
AGTACCGGCTCGCCAATGTGGACCGGTCTGCTGGCAAGAACAATAACTTGAGGCTTGATGATTGGGTA
TTGTGTCGAATTTACAACAAGAAAGGCACACTTGAGAAGCATTACAATGTGGACAACAAGGAAACTGC
AAGCTTTGGAGAATTTGATGAAGAAATAAAACCAAAAATATTGCCCACACAATTAGCACAGATGCCAC
CACGGCCCCGATCGACACCGACAAACGACTACTTCCATTTCGAATCATCGGAGTCGATGACTAGAATG
CACACCACAAACTCGAGCTCTGGCTCAGAGCATGTCTTGTCGCCATGTGACAAGGAGGTTCAGAGCGC
GCCCAAATGGGACGAAGACCACAGAAACACCCTTGATTTTCAGCTAAATTATCTGGATGGTTTACTAA
ATGAACCATTTGAAACCCAAATGCAGCAGCAAAGTTGCAACTTTGACCAGTTCAACAATTTCCAAGAC
ATGTTCTTTTACATGCAAAAGCCTTACTAAAATTGTATAAATTCATTGGATCTAAATTGATTGTGATC
CATGACATTTTCTTTGTTCTTTGGTGGTGTAGGTCAACTTTTATTAATTAGTTTAGAAAAGTACAAAA
TGCAAGTCAAATTTGGTGGGCTGTAATGAGCCTTTGATAAGCATAGCCAAAGAGTCATATAGAAGGGC
TTATTAATGTTATTATTGTAAGGTACATGTAAAACAAATGAAAATTTGTTAATATCAAGTTATCATTC
TTC

SEQ ID NO: 81 - CAC42087.1 - Solanum tuberosum

MNKGATGNQQLELPAGFRFHPTDDELVQHYLCRKCAGQPIAVSIITEIDLYKFDPWQLPEKALYGEKE
WYFFSPRDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPVGKPKTLGIKKALVFYAGKAPRGIKTNWIMHEYR
LANVDRSAGKNNNLRLDDWVLCRIYNKKGTLEKHYNVDNKETASFGEFDEEIKPKILPTQLAQMPPRP
RSTPTNDYFHFESSESMTRMHTTNSSSGSEHVLSPCDKEVQSAPKWDEDHRNTLDFQLNYLDGLLNEP
FETQMQQQSCNFDQFNNFQDMFFYMQKPY

SEQ ID NO: 82 - NM_147856.2 - Arabidopsis thaliana

CGATTACAATCTTGAGCAGACGAAGAAAACCCAAAAAAAATCCAGATCCAGCTGAAATTGAATTTTCA
ACCAACGAAGAAGAGATTTTTCCAAGAGCAACAGACAAGAAGAAGAGAATGAAGTCGGAGCTAAATTT
ACCAGCTGGGTTCCGATTCCATCCAACGGACGAGGAGCTTGTGAAATTCTACTTGTGCCGGAAATGTG
CTTCCGAGCAGATCTCGGCTCCGGTTATCGCCGAGATTGATCTCTACAAGTTCAATCCTTGGGAGCTT
CCAGAGATGTCTCTGTACGGAGAGAAAGAGTGGTACTTCTTCTCACCTAGAGATCGGAAATACCCAAA
CGGTTCGCGTCCTAACCGGGCAGCAGGAACCGGTTATTGGAAAGCTACCGGAGCAGATAAACCGATTG
GTAAACCGAAGACGTTGGGTATCAAGAAAGCACTCGTCTTCTACGCAGGGAAAGCTCCAAAAGGGATT
AAGACCAATTGGATAATGCATGAGTATCGTCTCGCTAATGTTGATAGATCAGCTTCTGTTAACAAAAA
GAACAACCTACGAC

FIGURA 27 (Cont.)

TTGATGATTGGGTTTTATGTCGAATATACAACAAGAAAGGAACCATGGAGAAGTATTTCCCCGCGGAT
GAGAAGCCGAGGACCACGACAATGGCTGAACAGTCATCATCACCTTTTGATACATCAGACTCGACTTA
CCCGACATTGCAAGAGGATGATTCCAGCAGCTCAGGTGGTCACGGTCACGTGGTGTCACCGGATGTTT
TGGAGGTTCAGAGCGAGCCTAAATGGGGAGAGCTTGAGGATGCTTTGGAAGCTTTTGATACTTCAATG
TTTGGTAGTTCCATGGAGTTGTTGCAGCCTGACGCTTTTGTCCCTCAGTTCTTGTATCAGTCTGATTA
TTTCACTTCCTTCCAGGATCCGCCTGAGCAGAAACCATTCTTGAATTGGAGTTTTGCTCCACAGGGGT
AAAAACGGAAGAGACCAAAAAAGGTGTTTGCTAGTAGTACTGTGATGTGCCAGAGAGAAGAGTCTCAT
CTCAACTCATCCCTGGCTCTTAGTAGTAAAAGAAGATTGTAGAATGTTAATAGCTTTTAGCATCAATG
TCTCATTAGCAGGCACATTCTTGTTCTTTCATGAGAAGTTTATATGAAAACTAAAAATTTATATTCAA
ATTCTTCAAGATGTTGCACTTATGTAGATACTGATATTAAATAACAACCTAACCTTTATGAGATATCA
TGCTCTCCGGAAGCATTTTTTGATGAGTATCATCAGCTGAATCGAGGCGATTTCCTCACAGCTGTTAT
TCCTATGTCTCTGAGACTTTTGATTCTCGTTTTCTTGACCTGAGGTTTCTTTTTGGAAGACTTCTCTC
TTTCCTTCTGTTCAAGCTGTGTGGAGGGTTTTTCAGATCCATTATTCCCACGAGGAGTCTTCATTTTG
GGATC

SEQ ID NO: 83 - NP_680161.1 - Arabidopsis thaliana

MKSELNLPAGFRFHPTDEELVKFYLCRKCASEQISAPVIAEIDLYKFNPWELPEMSLYGEKEWYFFSP
RDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPIGKPKTLGIKKALVFYAGKAPKGIKTNWIMHEYRLANVDR
SASVNKKNNLRLDDWVLCRIYNKKGTMEKYFPADEKPRTTTMAEQSSSPFDTSDSTYPTLQEDDSSSS
GGHGHVVSPDVLEVQSEPKWGELEDALEAFDTSMFGSSMELLQPDAFVPQFLYQSDYFTSFQDPPEQK
PFLNWSFAPQG

SEQ ID NO: 84 - AF509873.1 - Petunia x hybrida

CCCATTCTCAGTATCTAGACACCCAAAAATAAAAATAAAAAGATTTATTATTTTTTCATCAAGAAATT
CGTTAGAAAAATCAAAAAAATGACAACAGCAGAATTGCAATTACCTCCAGGGTTTAGATTTCACCCAAC
TGATGAAGAACTTGTGATGCACTATTTATGTAGAAAATGTGCTTCACAACCAATTGCTGTACCAATTA
TTGCTGAAATTGATCTCTACAAATATGACCCATGGGATCTTCCTGATTTGGCATTGTATGGGGAGAAA
GAATGGTATTTCTTTTCACCTAGGGACCGAAAGTATCCGAACGGTTCACGACCAAATCGAGCAGCTGG
AACAGGTTATTGGAAAGCCACTGGAGCTGATAAACCAATTGGACATCCTAAGGCAGTTGGAATTAAAA
AGGCATTGGTGTTTTACGCTGGCAAGGCTCCGAAAGGCGAGAAAACAAATTGGATTATGCACGAATAC
AGACTTGCTGATGTTGATCGATCTGCTCGTAAGAATAACAATAGCTTAAGGCTAGATGATTGGGTTTT
GTGCCGAATCTACAACAAAAAGGGCTCAATTGAAAAGAATCAACTCAATAACAAGAAAATAATGAATA
CTAGCTATATGGATATGACAGTATCAAGTGAAGAAGACCGAAAGCCAGAGATTCTACCACCGCTACCA
CCTCAGCCTGCGCCGCAACAGCAACAAGTTTATAACGATTTTTTCTACCTGGATCCATCAGATTCAGT
ACCAAAAATCCACTCAGATTCAAGCTGCTCGGAACATGTGGTTTCACCAGAGTTCACTTGTGAGAGAG
AAGTTCAGAGCGAAGCCAAGTTAAGTGAGTGGGAAAAAGCTGCCCTTGATCTTCCATTTAATTACATG
GATGCCACTACTGGAGCTACCACACTGGATAATAGCCTTTTAGGTTCACAGTTTCAGAGCAGTTATCA
GATGTCGCCATTGCAGGATATGTTCATGCACCTGCACAAACCTTTTTAAGGTCNAAAGTGAAGGAATC
AATCATTTTACGGCCGCATGTTTGTTAAAATGAGACTAAGTTAAAGTTCCCGTGACTTGCGCACGTTG
CGGGCTGTTTATAGGAATTAGTTACCATCCTTTTGGGTTTCCNCATTGGGCAATTTGTTTAAAACNAC
NTTTTTGTGTTATATAGTTTTAATAATGTTNCCCCCTNAATTNATTTAAAAAAAA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 85 - AAM34773.1 - Petunia x hybrida

MTTAELQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRKCASQPIAVPIIAEIDLYKYDPWDLPDLALYGEKEWYFFS
PRDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPIGHPKAVGIKKALVFYAGKAPKGEKTNWIMHEYRLADVD
RSARKNNNSLRLDDWVLCRIYNKKGSIEKNQLNNKKIMNTSYMDMTVSSEEDRKPEILPPLPPQPAPQ
QQQVYNDFFYLDPSDSVPKIHSDSSCSEHVVSPEFTCEREVQSEAKLSEWEKAALDLPFNYMDATTGA
TTLDNSLLGSQFQSSYQMSPLQDMFMHLHKPF

SEQ ID NO: 86 - AB218789.1 - Prunus mume

ACACACAGCACAGTCGAATCAAACGACGCCGTTCAGAATGTCCTCCTCCGATTTACAGCTGCCGCCCG
GCTTCAGGTTCCACCCGACGGACGAAGAGCTCGTGAAGCACTACCTCTGCCGCAAATGCCAGTCGCAG
CCGATTTCGGTCCCGATAATCGCCGAAATCGATCTCTACAAATACAACCCCTGGGACCTCCCTGGTTT
GGCGTTGTACGGTGAGAAAGAGTGGTATTTCTTTTCGCCGAGGGACCGGAAGTATCCGAATGGTTCGA
GGCCGAACCGGGCGGCCGGGAGCGGCTATTGGAAGGCGACCGGAGCGGATAAGCCGATCGGGAGCCCG
AAGCCAGTCGGGATTAAGAAGGCCCTGGTTTTCTACGCCGGAAAAGCTCCGAGAGGAGAGAAGACCAA
TTGGATTATGCACGAGTATCGCCTCGCCGACGTCGACCGCTCGCCTCGCAAAAAGAGCAGCAGCCTAA
GGTTGGACGATTGGGTTCTGTGTCGCATATACAACAAAAAGGGCACCGTCGAGAAACAGCAGCAGCAG
CAACAACAGCAACAACAGCAAACGACGAGTCGTATGAGTAGCGGCTCGGAATTCGAGGACAGGAAGCC
GGAGAATCTGGCGTGTCCTCCGCCGCCGGCTGCGGTAGCCCCCACTCGCCCGAACGACTACGTGTACT
TCGACACGTCGGACTCTGTGCCGAGGCTGCACACGGACTCAAGCTGCTCGGAGCACGTGGTGTCGCCG
GAGTTCACTTGCGAGGTGCAGAGCGAGCCCAAGTGGAAGGAGTGGGAGAAGGCCCTCGATTTTAACTA
CAATTACATGGACACCAGTGTAGAGAACGGGTTCGGGCCGCAGTTCCAGAGCGCTAATCAGATGTCGC
CGCTGCAGGATATTTTCATGTACCTACAGAAGCCGTATTGATTTTGATGAAGCGGGGCCTACAATTGC
ATTGCTATGAGTCGCCGCATCGGACGGCAACGGGAGACCCAGGTCGATGAGAGTGCGTTTTCGATGCT
GTGACAAGGGAAAGGGAAGGGGGATTTGCGTCGCGGGGTCCACCATTTGGGCCCAAGGCTGGGTGATT
TGGGAGCGTTGATATAAAGATGATATATATAGATGGAAAAAAGATGATGGGGCTGGTTTTGGAAGATA
GAAATATGAAGAAGTTTGGTTTTTAATGTGTACAGCATGTATGTATAGATATAAATAGGTAATGTTGT
TCACATGATGATTTTGAAGGGCCGTCTAAATCGTAATATTTGTTCTTTGTGAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAA

SEQ ID NO: 87 - BAE48667.1 - Prunus mume

MSSSDLQLPPGFRFHPTDEELVKHYLCRKCQSQPISVPIIAEIDLYKYNPWDLPGLALYGEKEWYFFS
PRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPIGSPKPVGIKKALVFYAGKAPRGEKTNWIMHEYRLADVD
RSPRKKSSSLRLDDWVLCRIYNKKGTVEKQQQQQQQQQQQTTSRMSSGSEFEDRKPENLACPPPPAAV
APTRPNDYVYFDTSDSVPRLHTDSSCSEHVVSPEFTCEVQSEPKWKEWEKALDFNYNYMDTSVENGFG
PQFQSANQMSPLQDIFMYLQKPY

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 88 - AY245885.1 - Brassica napus

ATTTCATTAGGATTATATTACTAGAGACAGATCCTCGAATAGAAAAGAAAATGTCAGAACTACAGCTG
CCTCCAGGATTCCGATTTCACCCAACCGACGAAGAGCTGGTGATGCACTATCTCTGCCGCAAATGCGC
CTCTCAGTCCATCGCCGTCCCCATCATCGCTGAGATCGATCTCTACAAATATGATCCTTGGGAGCTTC
CCGGTTTAGCCTTGTACGGTGAGAAGGAATGGTATTTCTTCTCT
CCAAGAGACAGAAAATATCCGAATGGTTCTCGGCCGAACCGGTCAGCTGGTTCGGGTTACTGGAAAGC
TACTGGAGCTGATAAACCGATCGGACTTCCTAAACCGGTTGGGATTAAGAAGGCTCTGGTTTTCTACG
CCGGGAAAGCTCCAAAGGGTGAGAAAACCAATTGGATCATGCATGAGTACCGTCTTGCCGACGTTGAC
CGATCATCGGCTGCTCGCAAGAAGAAGAATAGTCTCAGGCTGGATGATTGGGTTCTTTGTCGGATTTA
CAACAAAAAAGGAGCCATCGAGAAGCGAGGACCACCACCAACTCCGGTTGTTTACGGCGACGAGGTCG
TGGAGGAGAAGCCGAGGCTGTCGGAGATGGGCATGCCTCCTCCGCCGGTGATGCCGAATGATTTCGTG
TACTTTGACACGTCGGACTCGGTGCCAAAGCTGCATACGACGGAGTCGAGCTGCTCGGAGCAGGTGGT
GTCGCCGGAGTTCACGAGCGAGGTTCAGAGCGAGCCCAAGTGGAAGGATTGGTCGGGTGAGAAAAGTA
GCCTTGATTTTGGGTTTAATTACATAGATGCCACCGCGTTCGGGGGAGGAGGAGGGAGCAATCAGCTG
TTTCCGCTACAGGACATGTTCATGTACAACATGCCCAAGCCTTATTAGGTGAAGGCAAACGCTCGTCT
ATGGGTATCACGAGATCGGTTACGGTTACGGTCGGTCAATGAGTGTGCCGCCATTAGATATTTATTAC
CATGATGTTTGTTGTTCAGTGTTACTTTTATTTTCTAAGCGGTCAGATTACGGGAAATCTCTAATCGG
ATGGCGGTCGATGTGTCATTGTACTAGTGTTGTTTGGTAGAAGAATCCACATGTCTTTTCTTTTTTGG
GCTTTAGTGGGGCATAAAAGTCAAAAGCTAAGGATATTTGTTATTATCTCCTTCGTAATAATCAATTA
AATATTTCTTG

SEQ ID NO: 89 - AAP35054.1 - Brassica napus

MSELQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRKCASQSIAVPIIAEIDLYKYDPWELPGLALYGEKEWYFFSPR
DRKYPNGSRPNRSAGSGYWKATGADKPIGLPKPVGIKKALVFYAGKAPKGEKTNWIMHEYRLADVDRS
SAARKKKNSLRLDDWVLCRIYNKKGAIEKRGPPPTPVVYGDEVVEEKPRLSEMGMPPPPVMPNDFVYF
DTSDSVPKLHTTESSCSEQVVSPEFTSEVQSEPKWKDWSGEKSSLDFGFNYIDATAFGGGGSNQLFP
LQDMFMYNMPKPY

SEQ ID NO: 90 - NM_125774.3 - Arabidopsis thaliana

ATGGACTTTGCTCTCTTCTCCTCGATTTCAATCTTTGAGATAAACCACAAAGATCCTCCGATTCGAAG
GTTTATAAAAACTCAAAATCGAATCTTATCCACAAGAAAACAACAAGGTACTTTTCCAAAAATGAAGG
CGGAGTTGAATTTGCCGGCGGGATTCCGATTTCATCCGACGGACGAAGAGCTTGTCAAGTTCTATCTT
TGCCGGAGATGTGCGTCAGAACCGATTAACGTTCCGGTTATCGCAGAGATTGACTTGTACAAATTCAA
TCCATGGGAGCTTCCAGAAATGGCGTTGTACGGTGAGAAAGAATGGTACTTCTTCTCGCATAGAGACC
GGAAATACCCAAACGGGTCGAGACCAAACCGGGCAGCTGGAACCGGTTATTGGAAAGCGACTGGAGCT
GATAAACCGATCGGAAAACCGAAGACGTTAGGGATTAAGAAAGCACTCGTCTTCTACGCAGGAAAAGC
TCCGAAAGGGATTAAAACGAATTGGATTATGCACGAGTATCGTCTCGCTAATGTCGATCGATCTGCTT
CTACCAACAAGAAGAACAACTTAAGACTTGATGATTGGGTTTTGTGTCGGATATACAATAAGAAAGGA
ACAATGGAGAAGTATTTACCGGCGGCGGCTGAGAAACCGACGGAAAAGATGAGTACGTCGGACTCAAG
ATGCTCAAGTCACGTGATTTCACCGGACGTCACGTGTTCTGATAACTGGGAGGTTGAGAGTGAG

FIGURA 27 (Cont.)

CCCAAATGGATTAATCTGGAAGACGCGTTAGAGGCATTTAATGATGACACGTCCATGTTTAGTTCCAT
TGGTTTGTTGCAAAATGACGCCTTTGTTCCTCAGTTTCAGTACCAGTCCTCCGATTTCGTCGATTCGT
TTCAGGACCCGTTCGAGCAGAAACCGTTCTTGAATTGGAATTTTGCTCCTCAAGGGTAAAAATAATCG
GCAAAAAGTTGAAGCTTTTCAGAGTCTTCGATCACCGGCATTGTGTCGGATCCTGACCCGGAGACCAA
GTCGGGTCATACGATTACATAATCGGGTTATTGAGATTTCCACATTTGGATTTCCGAGACTAACCAAC
TTAACGGATTCTGGGGTAATTGGGGGGTTTTGCACAGGTGAATCACACTGAGTCAGCAAGTTTCGATT
TTTTGGTTTTGTTTTGTAATGATTGATTAAATGTCTAAAGATATCACGAAGTAGATACAGAAGAACTG
TAAAAGCAATTGTGACCAACCATTATGAATCATATATATATTCAATGAAGCATGAGCTTATTTCTTCT
TTAATGAAGCAATGTACATTTTTCTCCAA

SEQ ID NO: 91 - NP_201184.2 - Arabidopsis thaliana

MDFALFSSISIFEINHKDPPIRRFIKTQNRILSTRKQQGTFPKMKAELNLPAGFRFHPTDEELVKFYL
CRRCASEPINVPVIAEIDLYKFNPWELPEMALYGEKEWYFFSHRDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGA
DKPIGKPKTLGIKKALVFYAGKAPKGIKTNWIMHEYRLANVDRSASTNKKNNLRLDDWVLCRIYNKKG
TMEKYLPAAAEKPTEKMSTSDSRCSSHVISPDVTCSDNWEVESEPKWINLEDALEAFNDDTSMFSSIG
LLQNDAFVPQFQYQSSDFVDSFQDPFEQKPFLNWNFAPQG

SEQ ID NO: 92 - AY714222.1 - Capsicum annuum

GCAGGCAAACACACAAAGCAACAGCTGCAAACAGCAAAAGAAACACAACGGAGATTTATTCAGACGCC
TTTGATCTTCAGATAAGAAACAGGCAAGTTACCAAGAGTGATATTTATTGAGACGTCCTTGATTTTAG
CTGGGAAACAGGCAAGTTTTACAAAGAGAATGATCAAAGGAATCGTTGGAAATCAGCAATTGGGGTTA
CCTGCAGGATTTCGATTTCACCCTACTGATGAAGAGTTGGTGCAGCATTATTTGTGCAGGAAATGTGC
AGGACAGAGTATTTCTGTTTCGATTATAGCTGAAATTGATCTTTACAAGTTTGATCCTTGGCAGTTGC
CTGAAAAGGCATTATACGGTGAAAAAGAGTGGTATTTTTTCTCCCAAGAGGATAGAAAATACCCGAAC
GGTTCAAGGCCGAACCGGGCAGCAGGAACCGGTTATTGGAAAGCGACCGGAGCAGATAAACCGGTGGG
AAAACCGAAAACATTAGGGATAAAAAAGGCACTTGTATTTTATGCTGGAAAAGCACCAAGAGGTATAA
AGACTAATTGGATTATGCATGAGTATCGACTTGCTAATGTGGACAGATCTGCTGGAAAGAGTAATAAC
TTGAGGCTTGATGATTGGGTATTGTGTCGAATATACAACAAGAAGGGGCACACTTTGAGAAGTATTAC
AATGTGGGCCAGCAAGAGAGGTGAGAGTTTTGGGGAATTTGAGGATGAAATAAAACCAAAAATATTTC
CAACACAACTAGCACCGGCTCCGGGGCAGTGGCCCCCACGACCCCAATCAACCCCCGCAAGCGACTAC
TTCAACTTTGAAACATCCGAGTCGATGACTACTACTAGGATGCACACGACAAACTCGAGCTCTGGCTC
AGAGCATGTCTTGTCGTCATGTGACAAGGAGGTTCAGAGTGCACCTAAATGGGACGACCTTGGAACCG
CCGCCCTTGATTTCCAGATAAATTATTTGGATGGTTTGCTGAACGACCCTTTTGAAATCCAAATGCAG
CAGCAAAATTGCAACATTGACCAGTTCAACACTTTCCAGGACATGTTCCTATACATGCAAAAACCTTA
GTAGAATTGTATAAATCATGTGATTCAAATTGATTTTGATCCATGACATTTTGTTGGTTCTTTGGTGG
TGTAGGTCAACTTTTTATTGATTAGATTAGAAAAGTAGAAATGCTATTCAAATTTGGTGGGCTATAGC
TCAAATGAGCCTTCGCTAGATAGCCAAAGGATTATGTAGAAGGCTTATTGTAAGGTACAGGTAAAACA
AATGAAAATTTGTTAATATCAATTTATCATTCTTCAAAAAAAAAAAA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 93 - AAW48094.1 - Capsicum annuum

MIKGIVGNQQLGLPAGFRFHPTDEELVQHYLCRKCAGQSISVSIIAEIDLYKFDPWQLPEKALYGEKE
WYFFSQEDRKYPNGSRPNRAAGTGYWKATGADKPVGKPKTLGIKKALVFYAGKAPRGIKTNWIMHEYR
LANVDRSAGKSNNLRLDDWVLCRIYNKKGHTLRSITMWASKRGESFGEFEDEIKPKIFPTQLAPAPGQ
WPPRPQSTPASDYFNFETSESMTTTRMHTTNSSSGSEHVLSSCDKEVQSAPKWDDLGTAALDFQINYL
DGLLNDPFEIQMQQQNCNIDQFNTFQDMFLYMQKP

SEQ ID NO: 94 - NM_100054.2 - Arabidopsis thaliana

AAGTTTCAAAAACGCCAAGTTTCAGAGGTAGAGAGAGAGATACTACAATTGATTAGGATAGGATCAGG
ATCATCCTCAACAACCTCCTCCTAATTCCTCCTCCATTCATAGTAACAATAATATTAAGAAAGAGGGT
AAACTATGTCAGAATTATTACAGTTGCCTCCAGGTTTCCGATTTCACCCTACCGATGAAGAGCTTGTC
ATGCACTATCTCTGCCGCAAATGTGCCTCTCAGTCCATCGCCGTTCCGATCATCGCTGAGATCGATCT
CTACAAATACGATCCATGGGAGCTTCCTGGTTTAGCCTTGTATGGTGAGAAGGAATGGTACTTCTTCT
CTCCCAGGGACAGAAAATATCCCAACGGTTCGCGTCCTAACCGGTCCGCTGGTTCTGGTTACTGGAAA
GCTACCGGAGCTGATAAACCGATCGGACTACCTAAACCGGTCGGAATTAAGAAAGCTCTTGTTTTCTA
CGCCGGCAAAGCTCCAAAGGGAGAGAAAACCAATTGGATCATGCACGAGTACCGTCTCGCCGACGTTG
ACCGGTCCGTTCGCAAGAAGAAGAATAGTCTCAGGCTGGATGATTGGGTTCTCTGCCGGATTTACAAC
AAAAAAGGAGCTACCGAGAGGCGGGGACCACCGCCTCCGGTTGTTTACGGCGACGAAATCATGGAGGA
GAAGCCGAAGGTGACGGAGATGGTTATGCCTCCGCCGCCGCAACAGACAAGTGAGTTCGCGTATTTCG
ACACGTCGGATTCGGTGCCGAAGCTGCATACTACGGATTCGAGTTGCTCGGAGCAGGTGGTGTCGCCG
GAGTTCACGAGCGAGGTTCAGAGCGAGCCCAAGTGGAAAGATTGGTCGGCCGTAAGTAATGACAATAA
CAATACCCTTGATTTTGGGTTTAATTACATTGATGCCACCGTGGATAACGCGTTTGGAGGAGGAGGGA
GTAGTAATCAGATGTTTCCGCTACAGGATATGTTCATGTACATGCAGAAGCCTTACTAGAAGGGAATT
CCTTTCCTGCCGCCGAAACGCAACGCAAAACGACCCTCGTTTTTGCGTTTATGGCAACACGAGACCGT
TTTATATGCTCAATGAGTGTGCCGATTCGGCCATTAGATTTCTGTTCAGTCTTCGTTTATTCTATAGA
CCGTCCGATTTCAGATCATCCCTAATCGGACGGTGGTCGTTGGATGTATCAGTAGTGTATTACTGTGT
TAGGTAGAAGAAAATCCACTTGTTCTTAAATTGGCATAAAAGTCAGAAGCTAATATTTATATGTGCCG
CAATCAATTTAATATTTTCTGTCT

SEQ ID NO: 95 - NP_171677.1 - Arabidopsis thaliana

MSELLQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRKCASQSIAVPIIAEIDLYKYDPWELPGLALYGEKEWYFFSP
RDRKYPNGSRPNRSAGSGYWKATGADKPIGLPKPVGIKKALVFYAGKAPKGEKTNWIMHEYRLADVDR
SVRKKKNSLRLDDWVLCRIYNKKGATERRGPPPPVVYGDEIMEEKPKVTEMVMPPPPQQTSEFAYFDT
SDSVPKLHTTDSSCSEQVVSPEFTSEVQSEPKWKDWSAVSNDNNNTLDFGFNYIDATVDNAFGGGGSS
NQMFPLQDMFMYMQKPY

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 96 - AY573802.1 - Lycopersicon esculentum

CTAAATTCCTTCTTGTTTATCATTTTCTCTCTTCCCAAAAAAAAAATCCCAAAATTTAATCATAATAC
AATTCGAATTTATCAACCTCGTACTACGTACATATTTTTGTTGGTACGTAAAATACTGAATTCAGGTC
AACTCAAACATCGTAAATTGTGATTTCTTTATGGAAAGTACGGATTCATCAACCGGGACACGTCATCA
GCCTCAACTCCCACCGGGGTTTCGATTCCACCCGACGGACGAAGAACTCATCGTCCACTACCTCAAAA
AACGAGTCGCCGGCGCTCCGATTCCGGTGGATATTATTGGTGAAATTGATCTTTATAAGTTTGATCCA
TGGGAACTCCCTGCTAAGGCAATATTCGGAGAGCAAGAATGGTTCTTTTTTAGTCCAAGAGATAGAAA
ATATCCTAACGGGGCGAGGCCAAATCGGGCTGCAACATCGGGTTATTGGAAGGCTACCGGAACCGACA
AGCCGGTTTTTACTTCCGGTGGAACACAAAAGGTTGGGGTAAAAAAGGCGCTCGTTTTTTACGGCGGT
AAACCACCAAAAGGGGTAAAAACTAATTGGATCATGCATGAATACAGAGTTGTAGAAAATAAAACAAA
TAACAAGCCACTTGGTTGTGATAATATTGTTGCCAACAAAAAAGGATCTTTGAGGCTAGATGATTGGG
TTTTATGTCGAATTTACAAGAAGAATAACACACAAAGGTCCATAGATGATTTGCATGATATGTTGGGA
TCGATACCACAAAATGTACCAAATTCAATATTACAAGGAATAAAGCCTTCAAACTATGGTACAATATT
GCTCGAAAATGAATCGAATATGTACGATGGAATTATGAATAACACGAACGATATTATCAACAATAATA
ATAGATCCATTCCACAAATATCGTCAAAGAGAACGATGCATGGAGGTTTGTATTGGAATAACGACGAA
GCAACAACAACAACAACAACTATTGATAGGAACCATTCTCCAAATACAAAAAGGTTCCTTGTTGAGAA
CAACGAGGACGATGGACTTAACATGAATAATATTTCGCGAATTACAAATCATGAACAAAGTAGCTCCA
TTGCCAATTTCCTGAGCCAGTTTCCTCAAAATCCTTCGATTCAACAACAACAACAACAACAAGAAGAA
GTATTGGGATCTCTTAATGATGGGGTCGTCTTTCGACAACCTTATAATCAAGTTACTGGCATGAATTG
GTACTCTTAAAGATATAAAAAGGCAAAAAATAGTTAGCCCTGTAAAATCAATCGATCAATCAATCATA
GATATATTATATATGGATTTCGTTATATTTTACTTTTAGTTAGAATTAATATATAGAATATCTTCTAT
CTCACATTAACAAATAAGAACATTTATAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 97 - AAU43922.1 - Lycopersicon esculentum

MESTDSSTGTRHQPQLPPGFRFHPTDEELIVHYLKKRVAGAPIPVDIIGEIDLYKFDPWELPAKAIFG
EQEWFFFSPRDRKYPNGARPNRAATSGYWKATGTDKPVFTSGGTQKVGVKKALVFYGGKPPKGVKTNW
IMHEYRVVENKTNNKPLGCDNIVANKKGSLRLDDWVLCRIYKKNNTQRSIDDLHDMLGSIPQNVPNSI
LQGIKPSNYGTILLENESNMYDGIMNNTNDIINNNNRSIPQISSKRTMHGGLYWNNDEATTTTTTIDR
NHSPNTKRFLVENNEDDGLNMNNISRITNHEQSSSIANFLSQFPQNPSIQQQQQQQEEVLGSLNDGVV
FRQPYNQVTGMNWYS

SEQ ID NO: 98 - NM_118875.2 - Arabidopsis thaliana

AAAAGATCGACGAACATAAAAACAAAAACATATAATTTGGGTTTTTAGAGTTCGAAACTTGAAATCTT
TTTTTTTTTGGTTGCTGAGGAATCGAAGTAGAAGAGTATAAATGGGTGTTAGAGAGAAAGATCCGTTA
GCCCAGTTGAGTTTGCCACCAGGTTTTAGATTTTATCCGACAGATGAAGAGCTTCTTGTTCAGTATCT
ATGTCGGAAAGTTGCAGGCTATCATTTCTCTCTCCAGGTCATCGGAGACATCGATCTCTACAAGTTCG
ATCCTTGGGATTTGCCAAGTAAGGCTTTGTTTGGAGAGAAGGAATGGTATTTCTTTAGCCCAAGAGAT
CGGAAATATCCGAACGGGTCAAGACCCAATAGAGTAGCCGGGTCGGGTTATTGGAAAGCAACGGGTAC
TGACAAAATTATCACGGCGGATGGTC

FIGURA 27 (Cont.)

GTCGTGTCGGGATTAAAAAAGCTCTGGTCTTTTACGCCGGAAAAGCTCCCAAAGGCACTAAAACCAAC
TGGATTATGCACGAGTATCGCTTAATAGAACATTCTCGTAGCCATGGAAGCTCCAAGTTGGATGATTG
GGTGTTGTGTCGAATTTACAAGAAAACATCTGGATCTCAGAGACAAGCTGTTACTCCTGTTCAAGCTT
GTCGTGAAGAGCATAGCACGAATGGGTCGTCATCGTCTTCTTCATCACAGCTTGACGACGTTCTTGAT
TCGTTCCCGGAGATAAAAGACCAGTCTTTTAATCTTCCTCGGATGAATTCGCTCAGGACGATTCTTAA
CGGGAACTTTGATTGGGCTAGCTTGGCAGGTCTTAATCCAATTCCAGAGCTAGCTCCGACCAATGGAT
TACCGAGTTACGGTGGTTACGATGCGTTTCGAGCGGCGGAAGGTGAGGCGGAGAGTGGGCATGTGAAT
CGGCAGCAGAACTCGAGCGGGTTGACTCAGAGTTTCGGGTACAGCTCGAGTGGGTTTGGTGTTTCGGG
TCAAACATTCGAGTTTAGGCAATGAGAGAGATGTGAAGTTACTGATGGGTGAAAAAAGTAAAAAAAAA
ACTTGGAGATAGTAGAGTGGCAATTGATGTAAATAATAGGGATTTATATGGGGCTTTTACCGATTCGG
TGAGGCTTAGGATTCCACAAAGGAAAAAGGCTCGACTGGGGACTAGTTTGATCCAACTTGACGGCCCA
CAAATGTGTAATGTTTCTCAACGGAGAGAAAAATAAATGGTTACCAATATTTTTACACCGGTTATGTG
TTGATACCATTTGCACAAAACGGTTTAAGTTCTGAATTGAATAACTTAACACCCAAAATTTGGTAAAA
AGCTTAATACAAAAAGTTCAAAGGCATTTTCGCTTACTGCGACACTCGGAGTTGCAGAGTACTCTACG
TAACAGACTCTGTTCATAGAGTTTGCGGCACCGGTGGTGGGACATTCTTGCGGACACAGTATGTACTT
TTGGAAGCATCGTTCCTAAGGGTTGCTGCAGTAAACTCCTTGTGACTTGGCTCGCAAGAAACATAACA
TGGCCGCAAGAAAAAACAGCATTAACGAAGAGGTGTTTGAGATCTTCATGTCTAGTTTATTCTTCCTG
TTTTATTATGTGTCGACTGGTGTCAAAAGAAACGTGTTGATTGTGAATTTGTAGACGCCACTCTGTAA
ATTTATTTAAAATAAACTATTTTACTTCACGTT

SEQ ID NO: 99 - NP_567773.1 - Arabidopsis thaliana

MGVREKDPLAQLSLPPGFRFYPTDEELLVQYLCRKVAGYHFSLQVIGDIDLYKFDPWDLPSKALFGEK
EWYFFSPRDRKYPNGSRPNRVAGSGYWKATGTDKIITADGRRVGIKKALVFYAGKAPKGTKTNWIMHE
YRLIEHSRSHGSSKLDDWVLCRIYKKTSGSQRQAVTPVQACREEHSTNGSSSSSSQLDDVLDSFPEI
KDQSFNLPRMNSLRTILNGNFDWASLAGLNPIPELAPTNGLPSYGGYDAFRAAEGEAESGHVNRQQNS
SGLTQSFGYSSSGFGVSGQTFEFRQ

SEQ ID NO: 100 - DQ022843.1 - Triticum aestivum

ATTGATTCCGTTCCCACCTGCTCACCGTCGCCATGCCAATGGGCAGCAGCAGCGCCGCCATGCCCGCC
CTCCCTCCCGGCTTCCGGTTCCACCCCACCGACGAGGAGCTCATCGTCCACTACCTCGGCAGGCAGGC
CGCGTCCATGCCCAGCCCCGTGCCCATCATCGCCGAGGTCAACATCTACAAGTGCAACCCATGGGACC
TCCCCGGCAAGGCCTTGTTCGGGGAGAATGAGTGGTACTTCTTCAGCCCCCGGGATCGCAAGTACCCC
AACGGCGCGCGCCCCAACCGCGCCGCCGGGTCCGGCTACTGGAAGGCCACCGGCACCGACAAGGCCAT
CCTGTCCACGCCGGCCAACGAGAGCATCGGCGTCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACCGGGGCAAGCCGC
CCAAGGGCGTCAAGACCGACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCACCGCCGCCGACAACCGGACCACC
AAGCGCAGAGGATCCTCCATGAGGCTGGATGACTGGGTGCTGTGTAGGATCCACAAGAAGTGCAACAA
CTTGCACAACTTCTCCTCCTCTGACCAGGAACAGGAGCACGAGCAGGAGAGCTCCACCACCGTGGAGG
ACTCGCACAACAACCACACCGTGTCGTCGCCCAAGTCGGAGGCCTTCGACGGCGACGGCGACGACCAG
CTGCAGCTGCAGCAGTTCCGCCCCATGGCGATCGCCAAGTCGTGCTCCCTCACCGACCTGCTCAACAC
CGTCGACTACGCCGCGCTCTCGCACCTCCTCCTCGACGGCGCCGGCGCCGGCGCCTCG

FIGURA 27 (Cont.)

TCGTCGGACGCCGGAGCAGACTACCAGCTGCCGCCGGAAAACCCGCTCATCTACTCGCAGCCTCCATG
GCAACAAACGCTACACTATAATAACAATAACAATGGCTACGTGAACATCGACACCATCGACGTGCCTC
AGATACCCGAGGCCCGTGTAGATGACTACGGCATGAATGGCGATAGGTACAACGGCATGAAGAGGAAG
AGGTCCAGCGGCAGTTTGTACTGCAGCCAGCTGCAGCTCCCGGCGGATCAGTACAGCGGCATGCTGAT
CCATCCGTTCCTCAGCCAGCAGCTGCACATGTGAAGAACCAGAGAGCTTGGATCGAAGAGATCATCAT
TGTTCCATTTGAACTTGCTGTAGATCGAGGGGATCCCCCGCTGTGGCAGATAGGCAGGGATCTAGCTT
GCTTGCTGTGTCGTGACCGACCGACCGATAAGAACGGACAAATTTCAGAATTCTTGGTGTAGCACAAA
AGCTGTAAATTACGGGGGTTTATTGTGAAATAAATAAATCCAGTATTATTAAG

SEQ ID NO: 101 - AAY44098.1 - Triticum aestivum

MPMGSSSAAMPALPPGFRFHPTDEELIVHYLGRQAASMPSPVPIIAEVNIYKCNPWDLPGKALFGENE
WYFFSPRDRKYPNGARPNRAAGSGYWKATGTDKAILSTPANESIGVKKALVFYRGKPPKGVKTDWIMH
EYRLTAADNRTTKRRGSSMRLDDWVLCRIHKKCNNLHNFSSSDQEQEHEQESSTTVEDSHNNHTVSSP
KSEAFDGDGDDQLQLQQFRPMAIAKSCSLTDLLNTVDYAALSHLLLDGAGAGASSSDAGADYQLPPEN
PLIYSQPPWQQTLHYNNNNNGYVNIDTIDVPQIPEARVDDYGMNGDRYNGMKRKRSSGSLYCSQLQLP
ADQYSGMLIHPFLSQQLHM

SEQ ID NO: 102 - AY625682.1 - Triticum aestivum

GCAGCATTTTTATGCAGTAGCCATCTTCTCCTCCTCCTCCCCCCGCCTTCCAGCTAGCCACCTAGCTC
ACTATCACATCATCCAGCAGCCCACACCAACTCATATTGATTCCGTTCCCACCTGCTCGCCATCGCCA
GCCATGCCAATGGGCAGCAGCGCCGCCATGCCCGCCCTCCCTCCCGGCTTCCGGTTCCACCCCACCGA
CGAGGAGCTCATCGTCCACTACCTCCGCAGGCAGGCCGCGTCCATGCCCAGCCCCGTGCCCATCATCG
CCGAGGTCAACATCTACAAGTGCAACCCATGGGACCTCCCCGGCAAAGCTTTGTTCGGGGAGAATGAG
TGGTACTTCTTCAGCCCCCGGGATCGCAAGTACCCCAACGGCGCGCGCCCGAACCGCGCCGCCGGGTC
CGGCTACTGGAAGGCCACCGGCACCGACAAGGCCATCCTGTCCACGCCGGCCAACGAGAGCATCGGGG
TCAAGAAGGCGCTCGTGTTCTACAGGGGCAAGCCGCCCAAGGGCGTCAAGACCGACTGGATCATGCAC
GAGTACCGCCTCACCGCAGCCGACAACCGGACCACCAAGCGCAGAGGATCCTCCATGAGGCTGGATGA
CTGGGTGCTGTGTAGGATCCACAAGAAGTGCGGCAACTTGCCCAACTTCTCCTCCTCTGACCAGGAAC
AGGAGCATGAGCAGGAGAGCTCCACCGTGGAGGACTCGCAGAACAACCACACCGTGTCGTCGCCCAAG
TCCGAGGCCTTCGACGGCGACGGCGACGACCACCTCCAGTTGCAGCAGTTCCGCCCCATGGCGATCGC
CAAGTCGTGCTCCCTCACCGACCTGCTCAACACCGTCGACTACGCCGCGCTCTCGCACCTCCTCCTCG
ACGGCGCCGGCGCCTCGTCGTCGGACGCCGGAGCAGACTACCAGCTGCCTCCCGAAAACCCACTCATC
TACTCGCAGCCTCCATGGCAACAAACGCTACACTATAATAACAACAACGGCTACGTGAACAACGAGAC
CATCGACGTGCCTCAGCTACCCGAGGCGCGCGTAGATGACTACGGCATGAATGGCGATAAGTATAACG
GCATGAAGAGGAAGAGATCCAGCGGCAGCTTGTACTGCAGCCAGCTGCAGCTCCCAGCGGATCAGTAC
AGCGGCATGCTGATCCATCCGTTCCTCAGCCAGCAGCTGCACATGTGAAGAACCAGAGAGCTTGGGTC
GAAGAGATCATCATTGTTCCATTTGAACTTGCTGTAGATCGAGAGGATCCCCCGCTGTGGCAGATAGG
CAGGGATCTAGCTAGCTTGCTGTGTCGTGAACGACCGACCGATAAGAACGGACAAATTTCAGAATTCT
TGGTGTAGCACAAAGCTGTAAATTACGGGGGTTTATTGTGAAATAAATTAATCCAGTATTATC

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 103 - AAU08785.1 - Triticum aestivum

MPMGSSAAMPALPPGFRFHPTDEELIVHYLRRQAASMPSPVPIIAEVNIYKCNPWDLPGKALFGENEW
YFFSPRDRKYPNGARPNRAAGSGYWKATGTDKAILSTPANESIGVKKALVFYRGKPPKGVKTDWIMHE
YRLTAADNRTTKRRGSSMRLDDWVLCRIHKKCGNLPNFSSSDQEQEHEQESSTVEDSQNNHTVSSPKS
EAFDGDGDDHLQLQQFRPMAIAKSCSLTDLLNTVDYAALSHLLLDGAGASSSDAGADYQLPPENPLIY
SQPPWQQTLHYNNNNGYVNNETIDVPQLPEARVDDYGMNGDKYNGMKRKRSSGSLYCSQLQLPADQYS
GMLIHPFLSQQLHM

SEQ ID NO: 104 - AY742218.1 - Saccharum officinarum

ATGAGCGGCGGCGGTCAGGATCTGCAGCTGCCGCCGGGGTTCCGGTTCCACCCGACGGACGAGGAGCT
GGTGATGCACTACCTCTGCCGCCGCTGCGCCAGCCTGCCCATCGCCGTCCCCATCATCGCCGAGATCG
ACCTCTACAAGTTCGATCCATGGCAGCTCCCCAGGATGGCGCTGTACGGCGAGAAGGAGTGGTACTTC
TTCTCCCCGCGGGACCGCAAGTACCCGAACGGGTCCAGGCCCAACCGCGCCGCCGGGTCCGGCTACTG
GAAGGCCACCGGCGCCGACAAGCCCGTGGGCACGCCCAAGCCGCTCGCCATCAAGAAGGCGCTCGTCT
TCTACGCCGGCAAGGCGCCCAAGGGCGAGAAGACCAACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGAC
GTCGACCGCTCCGCCCGCAAGAAGAACAGCCTCAGGTTGGATGACTGGGTCCTGTGCCGCATCTACAA
CAAGAAGGGAGGGCTGGAGAAGCCGGCGGCGGCGTCCTCCGGCGACCACAAGCCGATGGTGTTCGCCG
CGGGCGCGGTGAGCTCCCCGCCGGAGCAGAAGCCGTTCGTGGCGACGCCGGGCGGGCTGCCCCCCGCC
GCGTTCACGGCGGACCTGGCGGCGTACTACGACCGGCCGTCGGACTCGATGCCGCGGCTGCACGCGGA
CTCCAGCTGCTCGGAGCAGGTGCTGTCGCCGGAGCAGCTGGCGTGCGACCGGGAGGTGCAGAGCCAGC
CCAAGATCAGCGAGTGGGAGCGCACCTTCGCCTCCGACCCCGTCAACCCCGCTGGCTCCATGCTCGTC
GACCCCGTCGTCGGTGGCCACGCCGGCGACCCGCTGCTGCAGGACATCCTCATGTACTGGGGCAAGCC
GTTCTAG

SEQ ID NO: 105 - AAW62955.1 - Saccharum officinarum

MSGGGQDLQLPPGFRFHPTDEELVMHYLCRRCASLPIAVPIIAEIDLYKFDPWQLPRMALYGEKEWYF
FSPRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPVGTPKPLAIKKALVFYAGKAPKGEKTNWIMHEYRLAD
VDRSARKKNSLRLDDWVLCRIYNKKGGLEKPAAASSGDHKPMVFAAGAVSSPPEQKPFVATPGGLPPA
AFTADLAAYYDRPSDSMPRLHADSSCSEQVLSPEQLACDREVQSQPKISEWERTFASDPVNPAGSMLV
DPVVGGHAGDPLLQDILMYWGKPF

SEQ ID NO: 106 - AK063406.1 - Oryza sativa

AACTAGCTTAGCTAGACAGCGTGTGTTGGTGGTGGTGGTGGTGTGTGTGTGTGTGAGGAGGGTGATCG
ATCGATCGAGCGATGGAGAGCCCGGACTCGTCGTCCGGCTCGGCGCCACCGCGAGTACTACGGCGGCA
ACAGCAGCAGCCGGGCTCGGCGCCGGAGCTGCCGCCGGGGTTCCGGTTCCACCCGACGGACGAGGAGC
TGGTGGTGCACTACCTCAAGAAGAAGGCCGCCTCCGTTCCGCTCCCCGTCACCATCATCGCCGAGGTC
GATCTCTACAAGTTCGATCCCTGGGATCTCCCCGAGAAGGCGAACTTCGGGGAGCAGGAGTGGTATTT
CTTCAGCCCGAGGGACCACAAGTACCCGAACGGGGCGCGGCCGAACCGGGCGGCGACGTCGGGGTACT
GGAAGGCCACCGGCACCGACAAGCCCATCATGTCGTCGGGGAGCACCCGCGAGAAGGTCGGCGTGAAG
AAGGCGCTCGTGTTCTACCG

FIGURA 27 (Cont.)

GGGCAAGCCACCCAAGGGCGTCAAGACTAACTGGATCATGCACGAGTACCGTCTCACGGACACGTCTA
GCTCCGCCGCCGCCGTCGCTACGACCAGGCGGCCGCCGCCGCCCATCACCGGCGGTAGCAAGGGCGCC
GTCTCTCTCAGGCTGGATGACTGGGTGCTGTGCCGCATATACAAGAAGACGAACAAGGCCGGTGCGGG
GCAGAGGAGCATGGAGTGCGAGGACTCCGTGGAGGACGCGGTGGCCGCGTACGCGCCGTCGTCGCAGC
AGCATGCCACGGCTGCTGCTGGCATGGCCGGTTCGGACGGCGCCGGAGGAGTTGCTGCAGCGCACGGC
GGCGACTACAGTTCACTGCTCCATCACGACAGCCACGAGGACACCTTCCTCGTAAACGGCCTGCTCAC
CGCGGAGGACGCCGCCGGCCTCTCGACCGGCGCCAGCTCTCTCAGCCAGCTCGCCGCGGCGGCGAGGG
CGGCGGCGACACCGTGCGACGCCACCAAGCAGCTTCTTGCTCCGTCTCCAACCCCATTCAACTGGTTC
GAGGCATTCCTTCCACGGGCCAAGGAGTTTCCTAGTGGGCTAAGCAGGAGTAGCAGAGACATCGGCGA
CATGTCGCTGTCATCGACGGTGGACAGGAGCCTGTCTGAGGCTGGCGCCGTGGCCATTGACACCGGCG
ACGCCGCCAATGGCGCAAACACTATGCCTGCATTTATCAATCCTCTCGGCGTGCAGGGTGCAACCTAC
CAACAACACCAAGCCATCATGGGTGCCTCGTTGCCATCGGAGTCAGCAGCAGCAGCAGCCGCCTGCAA
TTTCCAGCATCCGTTCCAACTCTCCAGGGTGAATTGGGATTCCTGAATAAAAGGTGCCGGCATTATGC
ATACACATATATGCACATGCATACATGCATGGCTTTTCAAGTAGTAGCACAACATTACTAGTAATTAA
TCACACTAATGTGTGTGGCAGTCGCATTCAGTGAGCACTGATCGAGTAGTTGCATGAACACAACACTA
ATGCATGCACTACATATATATGGCCGCATTGCTCCTAGGGCACGTACCTGTACGAACTAGGTAAGTGA
CCTAACCAGCTAGATCATGTTCAGAATAAGGAGAAGAAGCCGCATGCAAACACGTAGATCATATGGCT
TTGCCTTCACATGCGTTTGCATCATATATATCGCATTCAGAAAGTAGTGCTGCAGCTAACACATAGAT
ATGGTGTTAGCTTCATGCGTTTGTACCATATATAGCGGATGCAGAAAGTAGCTAGTTGCACTGTTCAT
CATTATCCCATGAGATATGAACTTTATAT

SEQ ID NO: 107 - AK063406.1 - Oryza sativa

MESPDSSSGSAPPRVLRRQQQQPGSAPELPPGFRFHPTDEELVVHYLKKKAASVPLPVTIIAEVDLYK
FDPWDLPEKANFGEQEWYFFSPRDHKYPNGARPNRAATSGYWKATGTDKPIMSSGSTREKVGVKKALV
FYRGKPPKGVKTNWIMHEYRLTDTSSSAAAVATTRRPPPPITGGSKGAVSLRLDDWVLCRIYKKTNKA
GAGQRSMECEDSVEDAVAAYAPSSQQHATAAAGMAGSDGAGGVAAAHGGDYSSLLHHDSHEDTFLVNG
LLTAEDAAGLSTGASSLSQLAAAARAAATPCDATKQLLAPSPTPFNWFEAFLPRAKEFPSGLSRSSRD
IGDMSLSSTVDRSLSEAGAVAIDTGDAANGANTMPAFINPLGVQGATYQQHQAIMGASLPSESAAAAA
ACNFQHPFQLSRVNWDS

SEQ ID NO: 108 - AC145753.1 – Medicago truncatula

ATGGGAACCCCACAGACCAATTTGCCACCAGGTTTTAGGTTCCACCCTACTGATGCAGAACTCATTCT
TCACTACCTTAGGAAAAAAATTGCCTCCATTCCCTTGCCTGTTTCCATCATTGCTGAAGTTGATATTT
ATAAGTTGGATCCTTGGGATTTACCAGCTAAGGCTTCATTTGGTGAGAAAGAATGGTACTTTTTTAGT
CCTAGAGATAGAAAGTACCCAAACGGTGCAAGGCCAAACAGGGCAGCTGCTTCAGGGTATTGGAAAGC
CACTGGCACTGATAAGACCATAGTGGCATCATTGCCATGTGGAGGAGGAAGATCACAAGAGAACATTA
TTGGTGTCAAAAAGGCTCTTGTTTTTTACAAAGGAAAACCCCCAAAGGGTATTAAGACTAATTGGATC
ATGCATGAATATCGTCTTGTTGACAACAATAAACCTATTAAGCTCAAAGATTCTTCCATGAGGTTGGA
TGATTGGGTGCTATGCCGAATTTACAAGAAATCAAAATGTGCACTAACTTCAACAGAATCATCAGAAA
CTATGGTAGGTGAAGTGGAACATGCAGAAGAGACACAATTCCAAGAAACCCTATTTCCAATCACCAAA
AACACAAC

FIGURA 27 (Cont.)

CTCACCTCTTCAAAACACACTCATGTCTCAAAAATCAGTGTCCTTTTCAAACCTATTAGATGCTATGG
ACTACTCCATGTTAAGCAGCTTCTTATCTGAAAATTCCAACAACCCATCAGGAATTGGAACAAGTTCA
GGTTTCAACACTGAAAATTTTAACCAACAACAATCTTCCCATATCAACACTTGCAACAATTACATGTC
TCAGAAGAATCCTCAATCCAACACTTTAAAGCACCAGCTTTCAAACGTAGATGAAGACATGTTATACC
CATCAAAGAAGTACTTGAGTTCCTCTTGCAATTTTCCTAACATCAATTCTCAGTATGAAAACTACCTT
ATGAAGCAATCTTTGATGAATCAACAATTGCTTTTAGGTCCTCATCATCAATATCAAGGCTAATCCAA
AATACCACAAAAATTAAGTGGTACCAAAAAAAAAAAAGATTATGAAATAGAAAAGTTAAGTAAGATTTC
TAGAAGTTGGGCCCACCAAATTACACCAATGTCATCATTAAGTAAGGATTGCTAATTTAATAGTAGTG
CACAAAATATAGTGTGTTCTATTTTGTCCATTTTAATTTTTTTTCTAGGAATTG

SEQ ID NO: 109 - AC145753.1 – Medicago truncatula

MGTPQTNLPPGFRFHPTDAELILHYLRKKIASIPLPVSIIAEVDIYKLDPWDLPAKASFGEKEWYFFS
PRDRKYPNGARPNRAAASGYWKATGTDKTIVASLPCGGGRSQENIIGVKKALVFYKGKPPKGIKTNWI
MHEYRLVDNNKPIKLKDSSMRLDDWVLCRIYKKSKCALTSTESSETMVGEVEHAEETQFQETLFPITK
NTTSPLQNTLMSQKSVSFSNLLDAMDYSMLSSFLSENSNNPSGIGTSSGFNTENFNQQQSSHINTCNN
YMSQKNPQSNTLKHQLSNVDEDMLYPSKKYLSSSCNFPNINSQYENYLMKQSLMNQQLLLGPHHQYQG

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 110 – Oryza sativa – promotor rcc3

TCGACGCTACTCAAGTGGTGGGAGGCCACCGCATGTTCCAACGAAGCGCCAAAGAAAGCCTTGCAGAC
TCTAATGCTATTAGTCGCCTAGGATATTTGGAATGAAAGGAACCGCAGAGTTTTTCAGCACCAAGAGC
TTCCGGTGGCTAGTCTGATAGCCAAAATTAAGGAGGATGCCAAAACATGGGTCTTGGCGGGCGCGAAA
CACCTTGATAGGTGGCTTACCTTTTAACATGTTCGGGCCAAAGGCCTTGAGACGGTAAAGTTTTCTAT
TTGCGCTTGCGCATGTACAATTTTATTCCTCTATTCAATGAAATTGGTGGCTCACTGGTTCATTAAAA
AAAAAAGAATCTAGCCTGTTCGGGAAGAAGAGGATTTTGTTCGTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGA
GAGAGAGAGAGAGAAGGAGGAGGAGGATTTTCAGGCTTCGCATTGCCCAACCTCTGCTTCTGTTGGCC
CAAGAAGAATCCCAGGCGCCCATGGGCTGGCAGTTTACCACGGACCTACCTAGCCTACCTTAGCTATC
TAAGCGGGCCGACCTAGTAGCCACGTGCCTAGTGTAGATTAAAGTTGCCGGGCCAGCAGGAAGCCACG
CTGCAATGGCATCTTCCCCTGTCCTTCGCGTACGTGAAAACAAACCCAGGTAAGCTTAGAATCTTCTT
GCCCGTTGGACTGGGACACCCACCAATCCCACCATGCCCCGATATTCCTCCGGTCTCGGTTCATGTGA
TGTCCTCTCTTGTGTGATCACGGAGCAAGCATTCTTAAACGGCAAAAGAAAATCACCAACTTGCTCAC
GCAGTCACGCTGCACCGCGCGAAGCGACGCCCGATAGGCCAAGATCGCGAGATAAAATAACAACCAAT
GATCATAAGGAAACAAGCCCGCGATGTGTCGTGTGCAGCAATCTTGGTCATTTGCGGGATCGAGTGCT
TCACAGCTAACCAAATATTCGGCCGATGATTTAACACATTATCAGCGTAGATGTACGTACGATTTGTT
AATTAATCTACGAGCCTTGCTAGGGCAGGTGTTCTGCCAGCCAATCCAGATCGCCCTCGTATGCACGC
TCACATGATGGCAGGGCAGGGTTCACATGAGCTCTAACGGTCGATTAATTAATCCCGGGGCTCGACTA
TAAATACCTCCCTAATCCCATGATCAAAACCATCTCAAGCAGCCTAATCATCTCCAGCTGATCAAGAG
CTCTTAATTAGCTAGCTAGTGATTAGCTGCGCTTGTGATC

SEQ ID NO: 111 - Motivo I

A/P/S/N V/L/I/A P/S/D/V/Q V/I I A/T/G

SEQ ID NO: 112 - Motivo II

N G/S S/Q/A/V RP N/S

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 113 - Motivo VI

C/Y R/K L/I Y/H/F N/K K K/N/C/S/T

SEQ ID NO: 114 - Motivo VII

N E/Q/T WEK M/V Q/R/K

SEQ ID NO: 115 - Motivo VIII

WGE T/A RTPES E/D

SEQ ID NO: 116 - Motivo IX

V/L PK K/E E S/R/A/V M/V/A/Q/R D/E D/E/L A/G/D

SEQ ID NO: 117 - Motivo X

S L/Y DD L/I Q G/S L/M/P G/Y S/N

SEQ ID NO: 118 - Motivo XI

DS M/V/I P R/K L/I/A H T/A/S D/E SS C/G SE

SEQ ID NO: 119 – iniciador direto

CCAACACTAGTAGGATAAAG

SEQ ID NO: 120 – iniciador reverso

ACCACTGGGCTAATTAATTA

SEQ ID NO: 121 – iniciador direto

GGTCGACCCACGCGTCCGCT

SEQ ID NO: 122 – iniciador reverso

AACTGAAGTACCCGTTCTTA

SEQ ID NO: 123 – iniciador direto

ATCCTCCACAAGAGAAACTA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 124 – iniciador reverso

AGTACAGTGTAGCACAATAA

SEQ ID NO: 125 – iniciador

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGGGATGGGGATGAG

SEQ ID NO: 126 – iniciador

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTCGATCACCACCTGTTCG

SEQ ID NO: 127 – iniciador

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGGAGTGCGGTGGTG

SEQ ID NO: 128 – iniciador

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTGTCACGTTCCGTTAATTAGAA

SEQ ID NO: 129 – iniciador

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGCCGAGCAGCG

SEQ ID NO: 130 – iniciador

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCTACTGCATCTGCAGATGA

FIGURA 27 (Cont.)

SEQ ID NO: 131, OsAP2-2 sequência de código (AP-EREBEP)

CATGTGCGGCGGCGCCATCCTCTCCGACCTCATCCCGCCGCCGCGGCGGGTCACCGCCGGCGACCTCT
GGCTGGAGAAGACCAAGAAGCAGCAGCAGCAGAAGAAGAAGAACAAGGGCGCGAGGAGGCTGCCACTG
CGCCAAGAGGAGGAGGATGATTTCGAGGCCGACTTCGAGGAGTTCGAGGTGGATTCCGGCGAGTGGGA
GGTGGAGTCCGACGCCGACGAGGCCAAGCCGCTCGCCGCGCCCCGGAGCGGCTTCGCTAAAGGTGGAT
TGAAAAACACTACTGTTGCTGGTGCTGATGGGCCTGCAGCAAGGTCTGCTAAAAGGAAGAGAAAGAAC
CAATTCAGGGGTATCCGCCAGCGGCCATGGGGCAAATGGGCTGCGGAAATCAGAGATCCTCGCAAAGG
TGTCCGCGTCTGGCTTGGCACCTTCAACTCTCCTGAGGAAGCTGCCAGAGCTTATGATGCTGAAGCAC
GAAGGATTCGAGGCAAGAAGGCCAAGGTCAATTTCCCAGATGGGGCTCCAGTGGCTTCTCAGAGGAGT
CATGCTGAGCCCTCCTCCATGAACATGCCTGCTTTCAGCATCGAAGAGAAGCCGGCCGTCATGTCAGC
AGGCAACAAAACCATGTACAACACAAATGCTTATGCCTACCCTGCTGTTGAGTACACCTTACAGGAGC
CATTTGTGCAGATTCAGAATGTCTCATTTGTTCCTGCAATGAACGCGATTGAGGATACTTTCGTGAAC
CTGTCCTCTGATCAAGGGAGCAACTCCTTTGGTTGCTCGGACTTTAGCCAGGAGAATGATATCAAGAC
CCCTGACATAACTTCCATGCTTGCACCGACCATGACAGGTGTTGATGACTCCGCATTCCTCCAGAACA
ATGCCAGTGATGCAATGGTACCTCCTGTGATGGGGAATGCTAGCATTGATCTTGCTGACCTGGAGCCG
TACATGAAATTTCTGATCGATGGTGGTTCGGATGAGTCGATTGACACCCTTCTGAGCTCTGATGGATC
TCAGGATGTGGCCAGTAGCATGGACCTTTGGAGCTTCGATGACATGCCCGTGTCGGCCGAGTTCTACT
GAGGGGTTTGGG

SEQ ID NO: 132, OsAP2-2, sequência de proteína deduzida, (AP2-EREBP)

MCGGAILSDLIPPPRRVTAGDLWLEKTKKQQQQKKKNKGARRLPLRQEEEDDFEADFEEFEVDSGEWE
VESDADEAKPLAAPRSGFAKGGLKNTTVAGADGPAARSAKRKRKNQFRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKG
VRVWLGTFNSPEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDGAPVASQRSHAEPSSMNMPAFSIEEKPAVMSA
GNKTMYNTNAYAYPAVEYTLQEPFVQIQNVSFVPAMNAIEDTFVNLSSDQGSNSFGCSDFSQENDIKT
PDITSMLAPTMTGVDDSAFLQNNASDAMVPPVMGNASIDLADLEPYMKFLIDGGSDESIDTLLSSDGS
QDVASSMDLWSFDDMPVSAEFY

SEQ ID NO: 133, Motivo XII

(R/I/V/L/K) (R/K/Q/D/E/A) (I/L) (R/Y/H)G(A/S/R/K/T/D/G/H/L/N) (K/T/R/N/G
)A(K/R/E) (V/L/P/T)NF(P/V)

SEQ ID NO: 134, Motivo XII

MCGG(A/S) (I/V/L) (I/L) (S/H/A/Y/G/P/E) (D/G/H/Y/E/Q/N)

SEQ ID NO: 135, Motivo XIV

(K/N/R/S/H/M/Q/P/A/E) (R/K/H/A/G/E/V/P/M) (E/K/A/R/S/Q/T/V/G/H/P) (R/K/
Q/S/G) (K/G/P/S/R/T/A/N) (T/N/R/S/A/Y/H/G) (L/Q/H/V/R/K/A/P/G) (Y/F) (R/W
/K/L/M)G(I/V) (R/Q/H) (R/Q/W/K)R(P/K/T)

SEQ ID NO: 136, Motivo XV

SD(Q/T/E/V) (G/S)SNSF(G/D/E/S/N) (C/S)S(D/E) (F/Y/L) (G/S) (W/Q/L) (E/G/S)
(N/E/D)

FIGURA 28

SEQ ID NO: 137, Motivo XVI

(L/I/F/M)W(S/T/N/M)(F/Y/L/I)(D/E/Q/G)(N/D/H/E)(I/Y/F/S/M/L/V/D/H/N/E/G)

SEQ ID NO: 138, Motivo XVII

(D/E/S)(F/A/W/D)(E/A)(A/D/L)(D/A/G/E)(F/G/L)(N/E/R/G/Q/W)(E/G/V/D/R)F(E/K/V/Y/G/D/L/I)(V/R/D/S/N/A/E)(D/G/T/E/R/A/Y/L/F)

SEQ ID NO: 139, NM_001067153.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os07g0674800 (Os07g0674800) mRNA, cds completo

GACTCGTCAGCTTAGAGCACCGCAAGCGCGCAGCAGCAGCAAAGATGTGTGGCGGCGCGATCATTTCC
GACTTCATCCCGCAGCGGGAAGCCCACCGCGCGGCCACCGGCAGCAAGCGTGCCCTCTGCGCCTCCGA
CTTCTGGCCGTCGGCGTCGCAGGAAGCCGCCGACTTCGACCACCTCACCGCCCCCTGCACCTTCACCC
CCGACCAAGCGGCAGAGGAGCCGACCAAGAAGCGGGAGCGGAAGACGCTGTACCGTGGCATCAGGCGG
CGGCCGTGGGGGAAGTGGGCGGCGGAGATCCGCGACCCGGCGAAGGGCGCGCGCGTCTGGCTCGGCAC
CTTCGCCACCGCCGAGGCGGCGGCCCGCGCCTACGACCGCGCCGCCCGCCGCATCCGCGGGGCCAAGG
CCAAGGTCAACTTCCCCAACGAGGACCCGCCACTCGACGACCCGGCCGCCGACGGCCACAGCCACGGC
GGCGCCGCCATCCCGTGCAGGGAGTTCATGGACTACGACGCCGTCATGGCGGGCTTCTTCCACCAGCC
CTACGTCGTCGCCGACGGCGTGCCGGCCGTGCCGGCGGAGGAGGCGCCCACGGTGGCGTACGTGCACC
ACCACCTGCCGCCGCAGCCGCAGCAGGACGCGGGGCTGGAGCTCTGGAGCTTTGATAACATCCACACG
GCCGTGCCGATGTGAGATCGATCTGATGATCATTCAGATCGATGCTAGCTCATGTGTTTTTAATTATA
TCTTCACAGCAGAAACAAAAAAAAGTTCAATTCAGTTTATTTTGTTGTTATACGTTTTAAAATGTTTC
ATTAGGTTTTCATGTTATAGGAGTGATTTATCGGATTGAACTCTCAAGTGACCGACTTCTGAGTTCTT

SEQ ID NO: 140, LOC_Os07g47790.1|11977.m08994|proteína |AP2-EREBP

MCGGAIISDFIPQREAHRAATGSKRALCASDFWPSASQEAADFDHLTAPCTFTPDQAAEEPTKKRERK
TLYRGIRRRPWGKWAAEIRDPAKGARVWLGTFATAEAAARAYDRAARRIRGAKAKVNFPNEDPPLDDP
AADGHSHGGAAIPCREFMDYDAVMAGFFHQPYVVADGVPAVPAEEAPTVAYVHHHLPPQPQQDAGLEL
WSFDNIHTAVPM

SEQ ID NO: 141, AY781352.1| mRNA de proteína de ligação de elemento responsivo a etileno 1 (EREB1), cds completo

CTCTCCACCCGCGGCCCCACGTGCTCCCAGCCATGTGCGGCGGCGCCATCCTCTCCGACATCATCCCG
CCGCCGCGCCGGGCCACCGGCGGCAACGTCTGGCGGGCGGACAAGAAGAGGAGGGCCAGGCCCGACGC
CGCCGCGGGGAGGCCCCGCCGCGTGCCCGAGGAGGAGTTCCAGGAGGAGGAGGGCGACGCGGAGTTCG
AGGCCGACTTCGAGGGGTTCGTGGAGGCGGAGGAGGAGTCCGACGGCGAGGCCAAGCCCTTCCCCGTC
CGCAGGACCGGCTTCTCCGGAGATGGACTGAAGGCAACTGCTGCTGGTGATGATGACTGTGCCTCAGG
GTCTGCTAAAAGGAAGAGAAAGAGCCAGTTCAGGGGCATCCGCCGCCGCCCTTGGGGTAAATGGGCTG
CTGAAATAAGAGATCCTCGCAAGGGTGTCCGTGTCTGGCTTGGCACTTACAACTCTGCTGAGGAAGCT
GCCAGAGCCTATGATGTTGAAGCCCGCAGAATTCGTGGCAAGAAGGCAAAGG

FIGURA 28 (Cont.)

TCAATTTCCCAGAAGAAGCTCCCATGGATCCTCAGCAACGCTGCGCTACCTCTGTGAAGGTGCCCGAGT
TCAACACCGAACAGAAGCCAGTACTCAACACCATGGGCAACACAGATGTGTATTCCTGCCCTGCTGTTG
ACTACACCTTAAATCAGCAATTTGTGCAGCCTCAGAACATGTCGTTTGTGCCTACAGTGAATGCAGTTG
AGGCTCCTTTCATGAATTTTTCCTCTGACCAGGGGAGCAACTCCTTTAGTTGCTCAGACTTCAGCTGGG
AGAATGATATCAAGACCCCTGACATAACTTCTGTGCTTGCATCCATTCCCACCTCAACTGAGGTCAATG
AATCTGCATTTCTCCAGAACAATGGCATTAATTCAACGGTACCTCCTGTGATGGGTGATGCTAATGTTG
ATCTTGCCGACTTGGAGCCATACATGAAGTTCCTGATGGACGATGGTTCAGATGAGTCAATTGACAGCA
TTCTAAGCTGTGATGTACCGCAGGACGTTGTCGGCAACATGGGCCTTTGGACCTTTGATGACATGCCCT
TGTCTGCTGGTTTCTACTGAGGGAATCGAGGTCGCTGGGTGCCTGTATATATAGACAAAGGAATAAGTA
TTCTGGACATCAACAAGTGCTTGTGTCTGGTGCCTCTAGAATCGAGCAGTAGCGACGTCAGTCTATGGT
TATGTCTAGCTTAAATGGTCAGGAGACCTAAGTCTTTTGCAATAGACCTCTGTCTTGTGCCCCCAGACT
ATATTATATCTATATATGAAACCAGTATGTGATGGGAACTGCTTATTTTGTATTCCTGTTTCTACCTTA
TTGTAATTGCTACAAGTGGCTGTAAACCTTTTAACTTTGAAAAAAAA

SEQ ID NO: 142, AAX13280.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno 1 **[Triticum aestivum]**

MCGGAILSDIIPPPRRATGGNVWRADKKRRARPDAAAGRPRRVPEEEFQEEEGDAEFEADFEGFVEAE
EESDGEAKPFPVRRTGFSGDGLKATAAGDDDCASGSAKRKRKSQFRGIRRRPWGKWAAEIRDPRKGVR
VWLGTYNSAEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPEEAPMDPQQRCATSVKVPEFNTEQKPVLNTMGNTD
VYSCPAVDYTLNQQFVQPQNMSFVPTVNAVEAPFMNFSSDQGSNSFSCSDFSWENDIKTPDITSVLAS
IPTSTEVNESAFLQNNGINSTVPPVMGDANVDLADLEPYMKFLMDDGSDESIDSILSCDVPQDVVGNM
GLWTFDDMPLSAGFY

SEQ ID NO: 143, NM_001049403.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os01g0313300 (Os01g0313300) mRNA, cds completo

ATCCAAATCCAACGTCCGCCTAAAGAAAAACACGCACACACTTCTTCTGCTTCCCTCCCCTTGTTTCC
GCTCCACTTCCCTTCCAAGCAAGAAAACCGAGGCTTCAGCTTAGCTAGGACCGACCGATCCGATGTGC
GGCGGTGCAATCATCTACGACTACATCCCGGCGCGCCGCCGGTTGTGCGCCTCCGACTTCTGGCCCGA
CGCCGACGACTCCGACCCCCACACCCCCGCTCCCGAGAAACCGCCGCGCGCGAAGAGGGAGCGGAAGA
ACCAGTACCGCGGGATCAGGCAGCGGCCGTGGGGGAAGTGGGCGGCGGAGATCCGCGACCCGGTGAAG
GGGGTGCGCGTCTGGCTCGGCACCTACCCGACCGCCGAGGCCGCCGCGCGGGCCTACGACCGCGCCGC
GCGCCGCATCAGGGGCGCCAAGGCGAAGGTCAACTTCCCCAACGACTTCGGCGCCGCCCCCGCGCCGG
CCGCGGCGGCGGCGAAGGCCGTCCCTCGCGTCGCGCCCACGCCGGCCGTGCTCCCGCCGCCCAAGATG
GAGGCGGTGTCCGAGGGCGCCGGCGCCTGCTCCTCCGACGAGGTCAAGGAGCTGTCCGAGGAGCTGCT
CGCGTACGAGAACTACATGAGCTTCCTCGGCATCCCCTACATGGAGGGCGGCGCCGCCTCCGCCGCCG
GCGCCGAGGAAGCCGCGGCGCCCGCCGGGCTCTGGACCTTCGAAGACTACGAGCTGCCGTCGCTAGCG
CTCTAGTAAAAATGTCACAATAAAAATGACATGTATGTGAAAAAATTTTTCCCTACCCGTAGTAAGTA
ACCAGTGTCTTTTTTTACCGTACTCTATGCGTTATTTTTGTTGAAATTAATCCATTGTTGAAGTTGTA
ACTGTGCATGGTCGGCGCCAGTCT

SEQ ID NO: 144, LOC_Os01g21120.1|11971.m08596| proteína **|AP2-EREBP**

MCGGAIIYDYIPARRRLCASDFWPDADDSDPHTPAPEKPPRAKRERKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDP
VKGVRVWLGTYPTAEAAARAYDRAARRIRGAKAKVNFPNDFGAAPAPAAAAAKAVPRVAPTPAVLPPP
KMEAVSEGAGACSSDEVKELSEELLAYENYMSFLGIPYMEGGAASAAGAEEAAAPAGLWTFEDYELPS
LAL

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 145, NM_001055712.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os03g0183000 (Os03g0183000) mRNA, cds completo

AAAGGCATTCGCAACACACACTTGAAGAAAAAAAACACGACGAACACGTTAAAAAAAGGTCGAAGAGA
AGTGGGAGACCCAAACCGCGAACAATGTGTGGAGGCGCCATCCTCGCCGAGTTCATCCCGGCGCCGTC
GCGCGCCGCGGCGGCGACCAAGCGGGTGACCGCCAGCCACCTGTGGCCGGCCGGCTCCAAGAACGCCG
CCCGCGGCAAGAGCAAGAGCAAGAGGCAGCAGAGGAGCTTCGCCGACGTCGACGACTTCGAGGCCGCC
TTCGAGCAGTTCGACGATGACTCCGACTTCGACGACGCGGAGGAAGAAGACGAAGGACACTTCGTGTT
CGCGTCCAAATCTCGTGTCGTCGCCGGGCACGACGGGCGCGCGGCGGCGAGGGCGGCGAGCAAGAAGA
AGCGGGGGCGGCACTTCCGAGGCATCCGGCAGCGGCCATGGGGGAAGTGGGCGGCGGAGATCCGCGAC
CCGCACAAGGGCACGCGCGTCTGGCTCGGCACGTTCAACACCCCGGAGGAGGCCGCACGCGCCTACGA
CGTCGAGGCGCGCCGCCTCCGCGGCAGCAAGGCCAAGGTCAACTTCCCCGCCACGCCCGCCGCCGCGC
GCCCACGCCGCGGCAACACGAGAGCCACCGCCGTGCCACCGCCGGCGACAGCACCCGCCGCCGCCCCG
CCGCGCGGACTGAAGCGAGAATTCTCGCCGCCTGCTGAGACCGCGCTACCTTTCTTCACCAACGGCTT
CGTCGACCTGACGACCGCCGCGGCGCCGCCACCGGCCATGATGATGACGAGCTCCTTCACCGACAGCG
TCGCCACGTCGGAGTCCGGCGGGAGCCCCGCCAAGAAGGCGAGGTCCGACGACGTCGACTCGTCCGAG
GGCAGCGTCGGCGGCGGCAGCGACACGCTGGGTTTCACCGACGAGCTGGAGTTCGACCCGTTCATGCT
GTTCCAGCTCCCCTACTCCGACGGCTACGAGTCCATCGACAGCCTCTTCGCCGCCGGCGACGCCAACA
GCGCGAACACCGACATGAACGCCGGCGTCAACCTGTGGAGCTTCGACGACTTCCCAATCGACGGCGCC
CTTTTCTGATGTACTCCTCCATTGATGCAGTTTGTGCACTCAATTGTTAATCACGTCGTCGTTGATGA
ATGTTTAACCGGAGGATGATGGGGTGCAGCTGATATCATGGCTTGCTTGATTACCGAATTATATTGCG
GTGTTTGTGTTTGTCAATTAGATTCTGAATCTGTACTACTGCCGATCTTATGATCAAAACTATATATT
AAGTTTATGTACTCTTAATTTGTGGGCTACTTTTACGGGGTCTTCGTACTGCTGGTCAAATAGTCCTA
TGAAATCGATCATGTCGGCAATATCGTCGTCAATTATCGTGGTCGTGGTTGTTAATGATGTCAAATAA
GTCTATGAAAACCTGGTCCTCTTGGTGTTTATGTACCACTGATCGATCCATCATTTGATCTCTGTCAT
GTTGAGATGGATCGTGTAAGAATATCATAATTTGCTGGATTCAGTCCAGTCGTAATGTATTTTGGTTT
GTACAACTGC

SEQ ID NO: 146, LOC_Os03g08470.1|11973.m06355|proteína |AP2-EREBP

MCGGAILAEFIPAPSRAAAATKRVTASHLWPAGSKNAARGKSKSKRQQRSFADVDDFEAAFEQFDDDS
DFDDAEEEDEGHFVFASKSRVVAGHDGRAAARAASKKKRGRHFRGIRQRPWGKWAAEIRDPHKGTRVW
LGTFNTPEEAARAYDVEARRLRGSKAKVNFPATPAAARPRRGNTRATAVPPPATAPAAAPPRGLKREF
SPPAETALPFFTNGFVDLTTAAAPPPAMMMTSSFTDSVATSESGGSPAKKARSDDVDSSEGSVGGGSD
TLGFTDELEFDPFMLFQLPYSDGYESIDSLFAAGDANSANTDMNAGVNLWSFDDFPIDGALF

SEQ ID NO: 147, AJ515477.2| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno erebp de Triticum aestivum

CTTTCCTTTCGCTTAGCTCTCCACCCGCGGCCCCACGTGCTCCCAGCCATGTGCGGCGGCGCCATCCT
CTCCGACATCATCCCGCCGCCGCGCCGGCCCGCCGGCGGCCGCCTCTGGCAGGCGGACAGGAAGAAGA
GGAGGGCCGGGCCCCGCCGCGTGCCCGAGGAGGAGCCCGAGGAGGAGGCGGAGGAGGGCGACGAGGAC
TTCGAGGCCGACTTCGAGGGGTTCGTGGACGAGGAGTCCGACGGCGAGGTCAAGCCCTTCCCCGCCCG
CAGGAGCGGCTTCTCCGGAGATGGATTGAAGGCAACTGCTGCTGGTGAATATGACTGTGCCTCAGGGT
CTGCTAAAAGGAAGAGAAAGAACCAGTTCAGGGGCATCCGCCGCCGCCCTTGGGGTAAATGGGCTGCT
GAAATAAGAGATCCTCGCAAGGGTGTCCGTGTCTGGCTTGGTACTTACAACTCC

FIGURA 28 (Cont.)

GCTGAGGAAGCTGCCAGAGCCTATGATGTTGAAGCCCGCAGAATTCGTGGCAAGAAGGCAAAGGTC
AATTTCCCAGAAGAAGCTCCTATGGCTCCTCAGCAACGCTGCGCTACTGCTGTGAAGGTGCCCGAGTT
CAACACCGAACAGAAGCCGGTACTCAACACCATGGGCAACGCAGATGTGTATTCCTGCTCTGCTGTTG
ACTACACCTTAAATCAGCAATTTGTGCAGCCTCAGAACATGTCGTTTGTGCCTACAGTGAATGCAGTT
GAGGCCCCTTTCATGAATTTTTCCTCTGACCAGGGTAGCAACTCCTTTAGTTGCTCAGACTTCAGCTG
GGAGAATGATATCAAGACCCCTGACATAACTTCTGTGCTTGCATCCATTCCCACCTCAACAGAGGTCA
ATGAATCTGCATTTCTCCAGAACAATGGCATCAATTCAACGGTACCTCCTGTGATGGGTGATGCTAAT
GTTGATCTTGCCGACTTGGAGCCATACATGAAGTTCCTGATGGACGATGGTTCAGATGAGTCAATTGA
CAGCATTCTAAGCTGTGATGTACCCCAGGATGTGGTCGGCAACATGGGCCTTTGGACCTTTGATGACA
TGCCCTTGTCTGCTGGTTTCTACTGAGGGAATCGAGGTCGCTGGGTGCCTGTATATATAGACAAAGGG
AATAAGTATTCAGGACATCAACAAGTGCTTGTGTCTGGTGCCTCTAGAATTGAGCAGTAGCGATGTCA
GTCTATGGTTATGTCTAGCTTAAATGGTCAGGTGACTGAGGTCTTTTGCAATAGACCTCTGTCTTGTG
CCCCCAGACTATACTTATATCTATATATGAGACCAGTATGTGATGGGGAACTGCTTATTTTGTATTCA
TGTTTCTACCTTATTGTAACTGCTACAAGAGGCTGTAAACCTTTTAAATTTGAAGCCAGTGTTTGTTC
TGTTGTGCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTATCTGC

SEQ ID NO: 148, CAD56466.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno [Triticum aestivum]

MCGGAILSDIIPPPRRPAGGRLWQADRKKRRAGPRRVPEEEPEEEAEEGDEDFEADFEGFVDEESDGE
VKPFPARRSGFSGDGLKATAAGEYDCASGSAKRKRKNQFRGIRRRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTY
NSAEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPEEAPMAPQQRCATAVKVPEFNTEQKPVLNTMGNADVYSCSA
VDYTLNQQFVQPQNMSFVPTVNAVEAPFMNFSSDQGSNSFSCSDFSWENDIKTPDITSVLASIPTSTE
VNESAFLQNNGINSTVPPVMGDANVDLADLEPYMKFLMDDGSDESIDSILSCDVPQDVVGNMGLWTFD
DMPLSAGFY

SEQ ID NO: 149, NM_130320.2| mRNA de fator de ligação / transcrição (AT2G47520) de DNA de Arabidopsis thaliana, cds completo

GTTCTAGTTTGGAGTTGGAAGCGTAAAAAACAAAAAACAAAAATGTGTGGGGGAGCTATCATTTCTGA
TTTCATCTGGTCGAAATCTGAGTCAGAACCGAGTCAACTCGGCTCTGTTAGCAGCAGGAAGAAGCGTA
AACCCGTCTCAGTGAGTGAAGAAAGAGATGGGAAACGAGAGAGGAAGAATCTGTACAGAGGGATAAGG
CAGAGGCCATGGGGCAAATGGGCAGCGGAGATTCGTGACCCGAGCAAAGGTGTACGTGTCTGGCTTGG
CACATTCAAAACCGCCGACGAAGCTGCTCGAGCCTACGACGTTGCTGCCATCAAAATCCGTGGCCGGA
AAGCCAAACTGAATTTCCCAAACACTCAAGTAGAAGAAGAAGCCGATACTAAACCAGGGGGGAATCAA
AATGAGCTGATTTCGGAAAACCAAGTAGAGAGCTTATCGGAGGACCTGATGGCATTGGAGGATTACAT
GAGATTCTATCAGATTCCGGTTGCCGACGACCAATCGGCGACCGATATTGGAAATTTATGGAGCTATC
AAGACTCCAATTAAATCTCTTATTTCCCGGCCGGTTTGCTCACTCATTAATATGCTGC

SEQ ID NO: 150, AT2G47520

MCGGAIISDFIWSKSESEPSQLGSVSSRKKRKPVSVSEERDGKRERKNLYRGIRQRPWGKWAAEIRDP
SKGVRVWLGTFKTADEAARAYDVAAIKIRGRKAKLNFPNTQVEEEADTKPGGNQNELISENQVESLSE
DLMALEDYMRFYQIPVADDQSATDIGNLWSYQDSN

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 151, NM_001054854.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os02g0782700 (Os02g0782700) mRNA, cds completo

TCTCTCCAATATTTTGTCGAACCGATTGAGGGAAAAAAAAAGAGAAAAAGAAAAGAAAAAAAAGAAGA
AGAAGAGAGAACTCGAACTCTCGCCTACCATTTCGCCCCCCTCCGCAAGCAATCCACCACTGCATCGG
CGGCGAGGGCTCACCGGCGGCGAGCCATGTGCGGCGGCGCCATCATCCACCACCTGAAGGGGCACCCG
GAGGGGTCGCGCCGGGCGACGGAGGGGCTCCTGTGGCCCGAGAAGAAGAAGCCCAGGTGGGGCGGCGG
CGGGAGGCGCCACTTCGGGGGGTTCGTGGAGGAGGACGACGAGGACTTCGAGGCCGACTTCGAGGAGT
TCGAGGTGGACTCCGGGGACTCGGATTTGGAGCTCGGGGAGGAGGACGACGATGACGTCGTCGAGATC
AAGCCGGCCGCCTTCAAGAGGGCCCTCTCCAGAGATAACTTGAGCACCATTACCACTGCCGGATTTGA
TGGTCCTGCTGCAAAGTCTGCCAAAAGAAAGAGAAAGAACCAATTCAGGGGCATCCGCCAGCGCCCTT
GGGGTAAGTGGGCTGCTGAAATCAGAGATCCTCGCAAGGGTGTTCGTGTCTGGCTTGGCACTTTCAAC
AGTGCTGAAGAAGCTGCAAGAGCTTATGATGCTGAAGCACGCAGGATTCGTGGCAAGAAGGCCAAGGT
GAATTTTCCAGAGGCTCCAACAACTGCTCAGAAGCGTCGTGCTGGCTCCACCACTGCTAAAGCACCCA
AGTCAAGTGTGGAACAGAAGCCTACTGTCAAACCAGCATTCAACAATCTTGCCAATGCAAATGCGTTT
GTCTACCCATCTGCTAACTTCACTTCAAACAAGCCGTTTGTTCAGCCTGATAACATGCCATTTGTTCC
TGCAATGAACTCTGCTGCTCCTATTGAGGACCCTATCATCAACTCTGACCAGGGAAGCAACTCATTTG
GCTGCTCTGACTTTGGCTGGGAGAATGATACCAAGACACCAGATATTACATCAATTGCTCCCATTTCA
ACCATAGCTGAAGTCGATGAATCTGCATTCATTAAGAGCAGTACCAACCCAATGGTCCCTCCTGTTAT
GGAGAACAGTGCTGTTGATCTGCCTGATTTAGAACCCTACATGAGGTTCCTTCTGGATGATGGTGCTG
GTGACTCAATTGATAGCCTTCTCAACCTGGATGGATCACAGGATGTTGTCAGCAACATGGACCTCTGG
AGCTTTGATGACATGCCCGTTAGCGATTTCTATTGAGGAATTCGAAGTCTTCTAGTCGGAGCATGTAC
ACAGGGAAAAAAAAAGGAATAAATACTATTGGAGATTGGGAGGCACCTGCATGGCACCTTGGGGGTAGC
ATATCGTTATGTTTAGCTTAGATGCAAAAGGCTGCATCCTGAAACTCTTTGGTGATTGGACCTGTTCC
CTATCCGCTGTCTATGTATGGCAGCCATCTATGAGACTCAAGAACTGCTTTTTTTTTTCCGTTCTAGT
TTTCTGTCGTTGCTACCTGTATATGGCTATGAACATCGTGAATCCATGGCCATTATGTTTTAATCTAT
GTTGTTGACTGCTCTTTCTTTCGGTCTTTGCTGTGCTGCGCTATGTTGGTGATAACTAGCTACCATAT
TGATTTTCTGTACATAATTCATTTGTTGAATCCGAAATTAAATAGTGCATTGAC

SEQ ID NO: 152, LOC_Os02g54160.1|11972.m10445| proteína |AP2-EREBP

MCGGAIIHHLKGHPEGSRRATEGLLWPEKKKPRWGGGGRRHFGGFVEEDDEDFEADFEEFEVDSGDSD
LELGEEDDDDVVEIKPAAFKRALSRDNLSTITTAGFDGPAAKSAKRKRKNQFRGIRQRPWGKWAAEIR
DPRKGVRVWLGTFNSAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPEAPTTAQKRRAGSTTAKAPKSSVEQKPT
VKPAFNNLANANAFVYPSANFTSNKPFVQPDNMPFVPAMNSAAPIEDPIINSDQGSNSFGCSDFGWEN
DTKTPDITSIAPISTIAEVDESAFIKSSTNPMVPPVMENSAVDLPDLEPYMRFLLDDGAGDSIDSLLN
LDGSQDVVSNMDLWSFDDMPVSDFY

SEQ ID NO: 153, AY831392.1| Oryza sativa (Indica cultivar-grupo) mRNA de fator transcricional 1 de ERF induzido por BTH (BIERF1), cds completo

CTGTAGCTTATTAGCGGCCATGTGCGGCGGAGCAATCATCTCCGGGTTCATCCCGCCGTCGGCCGCTG
CGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCCAAGAAGCAGCAGGGCAGGAGGGTCACGGCCGACGTGCTG
TGGCCGGGGATGCTGCGGAAGGGGAAGGCGGGGGCGGCGGAGGAGGACTTTGAGGCCGACTTCCGCGA
GTTCGAGCGTGGCATGAGCGACGACGAGGCGGAGGGGGGCGGCGGCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG
ACGACGTGGTCGTGGAGGTCCCCCCGCCGGCGACGGCGAGGTTCGTCGTCCGTGCCGC

FIGURA 28 (Cont.)

GGCCAAGGCGGCGCCCCCAACTGCAGATGGGATGTTGACTACAAAGCTTGTCCAACATGATGGACCTA
CTGCTAGATCGGCAAAGCGCAAGAGGAAGAATCAGTACAGGGGGATCCGCCAGCGTCCCTGGGGCAAA
TGGGCAGCTGAAATCCGAGACCCCAGCAAGGGTGTCCGTGTTTGGCTTGGAACATATAACACTGCTGA
GGAGGCAGCTAGGGCATATGACGCTGAAGCCCGCAAGATCCGTGGCAAGAAAGCCAAGGTCAACTTTC
CTGATGAACCAGCTGTTGCTCAGAAGCTCTCCCTGAAGCAAAACGCTGCCAAGCAAGAGAAACTAGCT
CCACCTCTGAAGTCCTGTGGCGATGATGCTTTCTTTCAGCTAAACAGTTCAGACAATGATTTGTTTGC
AATGCTTGCAAAGGTGCCTGCAAAGCCGGCAGAGCCTGTTGATCTCATGCCTCCAGTCAAACCTCTTG
CTTCCACTGAGACATTCGAGATGAACATGCTCTCTGATACGAGCAGCAACTCATTTGGCTCTTCAGAC
TTTGGTTGGGAGGATGACACCCTGACCCCAGACTACACTTCAGTCTTTGTTCCTAATGCTGCCATGCC
AGCATATGGTGAACCTGCTTACCTGACAGGTGGAGCGCCAAAGAGAATGAGGAACAACTATGGTATCG
CCGTGCCCCAGGGAAATGGCATGCCTAATCTCGCACAAAACATGCCCACCTTCGATCCCGAGATGAAG
TATTTGCCATTACCTTATGTTGAGAGCAGCTCAGATGAATCAATGGACAACCTTCTGCAAAATGATGC
TACACAAGACGGGGCAAGCAACGAGGGCATCTGGAGCCTTGATGAGCTGCTCATGGCAGCTGGTGCCT
ACTGAGGAGACGAAATGTTCTGGTCAGTGTGGTCTGTCACTAGCAAACCATGTAAGGCACTCCACACT
ACCTACTATTTTGATTTCTTGTAGATACATTTTCATGTTTGAATGTGTATGGCCAAGATGAAGAGCTG
GTGATGTCTGCTATGTTTTGTAGAGGGATGCTACCAAAGTAATGCTAGAATATTACAAGCTGCTATCA
GCTGTACTCTCTATGACAATGTTTATACTATGTTTGCTGTATGGTGTGGTCTATGATTTGAAGTATGT
CGGAGACTAATTCAAATAATGCCCTTGGGCCATGGTGCTGTGCCTTGGTAAATGGTGCTTTATTTAAG
GGTTATATTAGGTTGGTGCCTCAGTAATTGCCGTTTTCTACCAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 154, LOC_Os09g26420.1|11979.m05794| proteína **|AP2-EREBP**

MCGGAIISGFIPPSAAAAAAAAVAKKQQGRRVTADVLWPGMLRKGKAAAAEEDFEADFREFERGMSDD
EAEGGGGEEEEDDDDVVVVVPPPAAARFVVRAAAKAAPPTADGMLTTKLVQHDGPTARSAKHKRKNQY
RGIRQRPWGKWAAEIRDPSKGVRVWLGTYNTAEEAARAYDAEARKIRGKKAKVNFPDEPAVAQKLSLK
QNAAKQEKLAPPLKTCGDDAFFQLNSSDNDLFAMLAKVPAKPAEPVDLMPPVKPLASTETFEMNMLSD
TSSNSFGSSDFGWEDDTLTPDYTSVFVPNAAMPAYGEPAYLTGGAPKRMRNNYGIAVPQGNGMPNLAQ
NMPTFDPEMKYLPLPYVESSSDESMDNLLQNDATQDGASNEGIWSLDELLMAAGAY

SEQ ID NO: 155, AY271985.1| mRNA de proteína de ligação de elemento responsivo a etileno de Triticum aestivum (TaERF2), cds completo

ATGTGCGGCGGCGCCATCCTCTCCGACATCATCCCGCCGCCGCGCCGGGCCACCGGCGGCAACGTCTG
GCGGGCGGACAAGAAGAGGAGGGCCAGGCCCGACGCCGCCGCGGGGAGGCCCCGCCGCGTGCCCGAGG
AGGAGTTCCAGGAGGAGGAGAGCGACGCGGAGTTCGAGGCCGACTTCGAGGGGTTCGTGGAGGCGGAG
GAGGAGTCCGACGGCGAGGCCAAGCCCTTCCCCGTCCGCAGGAGCGGCTTCTCCGGAGATGGATTGAA
GGCAACTGCTGCTGGTGATGATGACTGTGCTTCAGGGTCTGCTAAAAGGAAGAGAAAGAACCAGTTCA
GGGGCATCCGCCGCCGCCCTTGGGGTAAATGGGCTGCTGAAATAAGAGATCCTCGCAAGGGTGTCCGT
GCCTGGCTTGGCACTTACAACTCTGCTGAGGAAGCTGTCAGAGCCTATGATGTTGAAGCCCGCAGAAT
TCGTGGCAAGAAGGCAAAGTCAATTTCCCAGAAGAAGCTCCCATGGCTCCTCAGCAAACGCTGCGCTA
CCTCTGTGAAGGTGCCCGAGTTCAACACCGAACAGAAGCCAGTACTCAACACCATGGGCAACGCAGAT
GTGTATTCCTGCCCTGCTGTTGACTACACCTTAAATCAGCAATTTGTGCAGCCTCAGAACATGTCGTT
TGTGCCTACAGTGAATGCAGTTGAGGCTCCTTTCATGAATTTTTCCTCTGACCAGGGGAGCAACTCCT
TTAGTTGCTCAGACTTCAGCTGGGAGAATGATATCAAGACCCCTGACATAACTTCTGTGCTTGCATCC
ATTCCCACCTCAACTGAGGTCAATGAATCTGCATTTCTCCAGAACAATGGCATTAATTCAACGGTACC
TCCTGTGATGGGTGATGCTAATGTTGATCTTGCCTACTTG

FIGURA 28 (Cont.)

GAGCCGTACATGAAGTTCCTGATGGACGATGGTTCAGATGAGTCAATTGACAGCATTCTAAGCTGTGA
TGTACCGCAGGACGTTGTCGGCAACATGGGCCTTTGGACCTTTGATGACATGCCCTTGTCTGCTGGTT
TCTACTGA

SEQ ID NO: 156, AAP32468.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno [Triticum aestivum]

MCGGAILSDIIPPPRRATGGNVWRADKKRRARPDAAAGRPRRVPEEEFQEEESDAEFEADFEGFVEAE
EESDGEAKPFPVRRSGFSGDGLKATAAGDDDCASGSAKRKRKNQFRGIRRRPWGKWAAEIRDPRKGVR
AWLGTYNSAEEAVRAYDVEARRIRGKKAKSISQKKLPWLLSKRCATSVKVPEFNTEQKPVLNTMGNAD
VYSCPAVDYTLNQQFVQPQNMSFVPTVNAVEAPFMNFSSDQGSNSFSCSDFSWENDIKTPDITSVLAS
IPTSTEVNESAFLQNNGINSTVPPVMGDANVDLAYLEPYMKFLMDDGSDESIDSILSCDVPQDVVGNM
GLWTFDDMPLSAGFY

SEQ ID NO: 157, AY271984.1| mRNA de proteína de ligação de elemento responsivo a etileno de Triticum aestivum (TaERF1), cds completo

ATGTGCGGCGGGCGCCATCCTCTCCGACATCATCCCGCCGCGGGGAGGCCCTGCCGTGCGCCTGAGGA
GGAGTTCCAGGAGGAGGAGGGCGACGCGGAGTTCGAGGCCGACTTCGAGGGGTTCGTGGAGGCGGAGG
AGGAGTCCGACGGCGAGGCCAAGCCCTTCCCCGTCCGCAGGAGCGGCTTCTCCGGAGATGGATTGAAG
GCAACTGCTGCTGGTGATGATGACTGTGCCTCAGGGTCTGCTAAAAGGAAGAGAAAGAACCAGTTCAG
GGGCGTCCGCCGCCGCCCTTGGGGTAAATGGGCTGCTGAAATAAGAGATCCTCGCAAGGGTGTCCGTG
TCTGGCTTGGTACTTACAACTCCGCTGAGGAAGCTGCCAGAGCCTATGGTGTTGAGGCCCGCAGAATT
CGTGGCAAGAAGGCAAAGGTCAATTTCCCAGAAGAAGCTCCTATGGCTCCTCAGCAACGCTGCGCTAC
TGCTGTGAAGGTGCCCGAGTTCAACACCGAACAGAAGCCGGTACTCAACACCATGGGCAACGCAGATG
TGTATTCCTGCTCTGCTGTTGACTACACCTTAAATCAGCAATTTGTGCAGCCTCAGAACATGTCGTTT
GTGCCTACAGTGAATGCAGTTGAGGCCCCTTTCATGAATTTTTCCTCTGACCAGGGTAGCAACTCCTT
TAGTTGCTCAGACCTCAGCTGGGAGAATGATATCAAGACCCCTGACATAACTTCTGTGCTTGCATCCA
TTCCCACCTCAACAGAGGTCAATGAATCTGCATTTCTCCAGAACAATGGCATCAATTCAACGGTACCT
CCTGTGATGGGTGATGCTAATGTTGATCTTGCCGACTTGGAGCCATACATGAAGTTCCTGATGGACGA
TGGTTCAGATGAGTCAATTGACAGCATTCTAAGCTGTGATGTACCCCAGGATGTGGTCGGCAACATGG
GCCTTTGGACCTTTGATGACATGCCCTTGTCTGCTGGTTTCTACTGA

SEQ ID NO: 158, AAP32467.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno [Triticum aestivum]

MCGGRHPLRHHPAAGRPCRAPEEEFQEEEGDAEFEADFEGFVEAEEESDGEAKPFPVRRSGFSGDGLK
ATAAGDDDCASGSAKRKRKNQFRGVRRRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTYNSAEEAARAYGVEARRI
RGKKAKVNFPEEAPMAPQQRCATAVKVPEFNTEQKPVLNTMGNADVYSCSAVDYTLNQQFVQPQNMSF
VPTVNAVEAPFMNFSSDQGSNSFSCSDLSWENDIKTPDITSVLASIPTSTEVNESAFLQNNGINSTVP
PVMGDANVDLADLEPYMKFLMDDGSDESIDSILSCDVPQDVVGNMGLWTFDDMPLSAGFY

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 159, NM_001036108.1| Arabidopsis thaliana RAP2.12;

mRNA de fator de ligação / transcrição de DNA (RAP2.12), cds completo

AAAACAACAAAGCAAAGCGTTGAAGAGAGAAGAAGAAGCAAAGATATAACCCCCAAAAGTATCAATTA
GTTTCCATTTTCGCCGCTAAGATTCTGTTTTCGAACATTTACACCCTCAAGAATCGCCGCCATGTGTG
GAGGAGCTATAATATCCGATTTCATTCCACCGCCGAGGTCTCGCCGTGTTACTAGCGAGTTTATTTGG
CCGGATCTGAAGAAGAATTTGAAAGGATCGAAGAAAAGCTCGAAGAATCGTTCGAATTTCTTCGATTT
TGACGCTGAGTTCGAAGCTGATTTCCAAGGTTTCAAAGATGATTCGTCTATCGATTGCGATGATGATT
TCGACGTCGGTGATGTTTTCGCCGATGTGAAACCATTCGTTTTCACTTCGACTCCAAAACCCGCCGTC
TCCGCCGCTGCGGAAGGTTCAGTTTTTGGTAAGAAAGTTACTGGCTTGGATGGGGACGCTGAGAAATC
TGCAAATAGGAAGAGGAAGAATCAGTACCGAGGGATTAGGCAACGTCCTTGGGGAAAATGGGCTGCTG
AGATACGTGATCCAAGGGAAGGTGCTAGAATCTGGCTTGGAACGTTCAAGACAGCTGAGGAAGCTGCT
AGAGCTTACGATGCTGCAGCGCGGAGAATCCGTGGATCTAAAGCTAAGGTGAATTTCCCTGAAGAAAA
CATGAAGGCTAATTCTCAGAAACGCTCTGTGAAGGCTAATCTTCAGAAACCAGTGGCTAAACCTAACC
CTAACCCAAGTCCAGCTTTGGTTCAGAACTCGAACATCTCCTTTGAAAATATGTGTTTCATGGAGGAG
AAACACCAAGTGAGCAACAACAACAACAACCAGTTTGGGATGACAAACTCCGTTGATGCTGGATGTAA
TGGGTATCAGTATTTCAGCTCTGACCAGGGTAGTAATTCTTTCGATTGTTCGGAGTTTGGTTGGAGCG
ATCAAGCTCCGATAACTCCCGACATCTCTTCTGCGGTTATCAACAACAACAACTCAGCTCTGTTCTTT
GAGGAAGCCAATCCAGCTAAGAAGCTCAAGTCTATGGATTTCGAGACACCTTACAACAACACTGAATG
GGACGCTTCACTGGATTTCCTCAACGAAGATGCTGTAACGACTCAGGACAATGGTGCAAACCCTATGG
ACCTATGGAGTATTGATGAAATTCATTCCATGATTGGAGGAGTCTTCTGAAGAGATCCAGTTTCATGA
GTTCCTGTTTGCATTGCGAGAAGCCATGAGCCTCTATCTTGAGGGTAGTTGTGATGAAGTTAAGTAGA
GGCTTATTTTTAGGGGTTGTGGTAGTTTTTGTTTTAGTGAATCTTTTGAATTCGTTTGTGTTTTGTTT
TTGTTACTTTATGCCCCAAAACTCCTTTAACATTTGTCATAATGTGTTTGAACCTCTCATCTGTTTAA
TCAAATAAATCTTCTTTGTATGCT

SEQ ID NO: 160, AT1G53910.1 fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína 358AA

MCGGAIISDFIPPPRSRRVTSEFIWPDLKKNLKGSKKSSKNRSNFFDFDAEFEADFQGFKDDSSIDCD
DDFDVGDVFADVKPFVFTSTPKPAVSAAAEGSVFGKKVTGLDGDAEKSANRKRKNQYRGIRQRPWGKW
AAEIRDPREGARIWLGTFKTAEEAARAYDAAARRIRGSKAKVNFPEENMKANSQKRSVKANLQKPVAK
PNPNPSPALVQNSNISFENMCFMEEKHQVSNNNNNQFGMTNSVDAGCNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFG
WSDQAPITPDISSAVINNNNSALFFEEANPAKKLKSMDFETPYNNTEWDASLDFLNEDAVTTQDNGAN
PMDLWSIDEIHSMIGGVF

SEQ ID NO: 161, AY088204.1| mRNA de clone de Arabidopsis thaliana 42960, seqüência completa

AAAAACAACAAAGCAAAGCGTTGAAGAGAGAAGAAGAAGCAAAGATATAACCCCCAAAAGTATCAATT
AGTTTCCATTTTCGCCGCTAAGATTCTGTTTTCGAACATTTACACCCTCAAGAATCGCCGCCATGTGT
GGAGGAGCTATAATATCCGATTTCATTCCACCGCCGAGGTCTCGCCGTGTTACTAGCGAGTTTATTTG
GCCGGATCTGAAGAAGAATTTGAAAGGATCGAAGAAAAGCTCGAAGAATCGTTCGAATTTCTTCGATT
TTGACGCTGAGTTCGAAGCTGATTTCCAAGGTTTCAAAGATGATTCGTCTATCGATTGCGATGATGAT
TTCGACGTCGGTGATGTTTTCGCCGATGTGAAACCATTCGTTTTCACTTCGACTCCAAAACCCGCCGT
CTCCGCCGCTGCGGAAGGTTCAGTTTTTGGTAAGAAAGTTACTGGCTTGGATGGGGAAGCTGAGAAAT
CTGCAAATAGGAAGAGGAAGAATCAGTACCGAGGGATTAGGCAACGTCCTTG

FIGURA 28 (Cont.)

GGGAAAATGGGCTGCTGAGATACGTGATCCAAGGGAAGGTGCTAGAATCTGGCTTGGAACGTTCAAGA
CAGCTGAGGAAGCTGCTAGAGCTTACGATGCTGCAGCGCGGAGAATCCGTGGATCTAAAGCTAAGGTG
AATTTCCCTGAAGAAAACCTGAAGGCTAATTCTCAGAAACGCTCTGTGAAGGCTAATCTTCAGAAACC
AGTGGCTAAACCTAACCCTAACCCAAGTCCAGCTTTGGTTCAGAACTCGAACATCTCCTTTGAAAATA
TGTGTTTCATGGAGGAGAAACACCAAGTGAGCAACAACAACAACAACCAGTTTGGGATGACAAACTCC
GTTGATGCTGGATGTAATGGGTATCAGTATTTCAGCTCTGACCAGGGTAGTAATTCTTTCGATTGTTC
GGAGTTTGGTTGGAGCGATCAAGCTCCGATAACTCCCGACATCTCTTCTGCGGTTATCAACAACAACA
ACTCAGCTCTGTTCTTTGAGGAAGCCAATCCAGCTAAGAAGCTCAAGTCTATGGATTTCGAGACACCT
TACAACAACACTGAATGGGACGCTTCACTGGATTTCCTCAACGAAGATGCTGTAACGACTCAGGACAA
TGGTGCAAACCCTATGGACCTATGGAGTATTGATGAAATTCATTCCATGATTGGAGGAGTCTTCTGAA
GAGATCCAGTTTCATGTAAATAAGGCTGCATGTTTGTGAGTTTCCCGCATCGTTCGTTTATCAACCTC
CAAAACTTTCTAATGTCTGTTACTTGCATCTTCTTCTGCTGTCTCTGTCTGTCTCTCTCAGGAGTTCC
TGTTTGCATTGCGAGAAGCCATGAGCCTCTATCTTGAGGGTAGTTGTGATGAAGTTAAGTAGAGGCTT
ATTTTTAGGGGTTGTGGTAGTTTTTGTTTTAGTGAATCTTTTGAATTCGTTTGTGTTTTGTTTTTGTT
ACTTTATGCCCCAAAACTCCTTTAACATTTGTCATAATGTGTTTGAACCTCCTCATCTGTTTAATCAA
ATAAATCTTCTTTGTATGCT

SEQ ID NO: 162, AAM65746.1| proteína contendo domínio AP2, putativo [Arabidopsis thaliana] RAP2;12

MCGGAIISDFIPPPRSRRVTSEFIWPDLKKNLKGSKKSSKNRSNFFDFDAEFEADFQGFKDDSSIDCD
DDFDVGDVFADVKPFVFTSTPKPAVSAAAEGSVFGKKVTGLDGEAEKSANRKRKNQYRGIRQRPWGKW
AAEIRDPREGARIWLGTFKTAEEAARAYDAAARRIRGSKAKVNFPEENLKANSQKRSVKANLQKPVAK
PNPNPSPALVQNSNISFENMCFMEEKHQVSNNNNNQFGMTNSVDAGCNGYQYFSSDQGSNSFDCSEFG
WSDQAPITPDISSAVINNNNSALFFEEANPAKKLKSMDFETPYNNTEWDASLDFLNEDAVTTQDNGAN
PMDLWSIDEIHSMIGGVF

SEQ ID NO: 163, NM_112281.2| Arabidopsis thaliana RAP2.2;

mRNA de fator de ligação / transcrição de DNA (RAP2.2), cds completo

GGAGAGTAACATCGAGACAAAGAAGAAAAACTAAAAAAGAGAACCCCAAAGAATCGAATATTTATTAT
TTCGCCCCGAAGATTCTATTTCTGATCATTTACACCCCTAAAAAGAGTAGAGCTTTCGTGAAGCCACC
ATGTGTGGAGGAGCTATAATCTCCGATTTCATACCTCCGCCGAGGTCCCTCCGCGTCACTAACGAGTT
TATCTGGCCGGATCTGAAAAACAAAGTGAAAGCTTCAAAGAAGAGATCGAATAAGCGATCCGATTTCT
TCGATCTTGACGATGATTTCGAAGCTGATTTCCAAGGGTTTAAGGATGACTCGGCTTTTGACTGCGAA
GACGATGATGATGTCTTCGTCAATGTTAAGCCTTTCGTCTTCACCGCAACTACTAAGCCCGTAGCTTC
CGCTTTCGTCTCCACTGGTATATATTTGGTAGGTTCAGCATATGCCAAGAAAACTGTAGAGTCCGCTG
AGCAAGCTGAGAAATCTTCTAAGAGGAAGAGGAAGAATCAATACCGAGGGATTAGGCAGCGTCCTTGG
GGAAAATGGGCTGCGGAGATCCGTGATCCGAGAAAAGGCTCCCGAGAATGGCTTGGAACATTCGACAC
TGCTGAGGAAGCAGCAAGAGCTTATGATGCTGCAGCACGCAGAATCCGTGGCACGAAAGCTAAGGTGA
ATTTTCCCGAGGAGAAGAACCCTAGCGTCGTATCCCAGAAACGTCCTAGTGCTAAGACTAATAATCTT
CAGAAATCAGTGGCTAAACCAAACAAAAGCGTAACTTTGGTTCAGCAGCCAACACATCTGAGTCAGCA
GTACTGCAACAACTCCTTTGACAACTCTTTTGGTGATATGAGTTTCATGGAAGAGAAGCCTCAGATGT
ACAACAATCAGTTTGGGTTAACAAACTCGTTCGATGCTGGAGGTAACAATGGATACCAGTATTTCAGT
TCCGATCAGGGCAGTAACTCCTTCGACTGTTCTGAGTTCGGGTGGAGTGATCACGGCCCTAAAACACC
CGAGATCTCTTCAATGCTTGTCAATAACAACGAAGCATCATTTGTTGAAGAAACCAATGCAGCCAAGA
AGCTCAAACCAAACTCTGATGAGTCAGACGATCT

FIGURA 28 (Cont.)

GATGGCATACCTTGACAACGCCTTGTGGGACACCCCACTAGAAGTGGAAGCCATGCTTGGCGCAGATG
CTGGTGCTGTGACTCAGGAAGAGGAAAACCCAGTGGAGCTATGGAGCTTAGATGAGATCAATTTCATG
CTGGAAGGAGACTTTTGAAGTGATCGATGGTTCCTTAGTTTGTAAATAAAGCTGTGTTGGATTTTGCT
GTTGGGGGATGGTACAAGTCACACCTCAAGCTCTATGCATTGGTATCTCATGAGCCTCTCTTCCATAG
AGAGTTTCTCTTTTAATTTTGTCGAAATAAAAAAGGTGTGATGAAGTAAATAGAGGTATAATAATATC
TATCTATTAAGTCTTGTTTTGTTCTTTCATTTTTGTATTTCTTTTCTATTTAAAAGACAGTTTATTAG
TCTTCTGAGCTCTCTTTTTGATCTTTGTTATAGCGTATCATCACCCTCGAAAGTGTAATGTTTTGTAC
CCCCAAACTTGTTTAGCATTATAATAAAGTCTCTTTGGAACTTCTC

SEQ ID NO: 164, AT3G14230.1 fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína 379AA

MCGGAIISDFIPPPRSLRVTNEFIWPDLKNKVKASKKRSNKRSDFFDLDDDFEADFQGFKDDSAFDCE
DDDDVFVNVKPFVFTATTKPVASAFVSTGIYLVGSAYAKKTVESAEQAEKSSKRKRKNQYRGIRQRPW
GKWAAEIRDPRKGSREWLGTFDTAEEAARAYDAAARRIRGTKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNL
QKSVAKPNKSVTLVQQPTHLSQQYCNNSFDNSFGDMSFMEEKPQMYNNQFGLTNSFDAGGNNGYQYFS
SDQGSNSFDCSEFGWSDHGPKTPEISSMLVNNNEASFVEETNAAKKLKPNSDESDDLMAYLDNALWDT
PLEVEAMLGADAGAVTQEEENPVELWSLDEINFMLEGDF

SEQ ID NO: 165, NM_180251.1| Arabidopsis thaliana mRNA de fator de ligação / transcrição de DNA (RAP2.2), cds completo

GGAGAGTAACATCGAGACAAAGAAGAAAAACTAAAAAAGAGAACCCCAAAGAATCGAATATTTATTAT
TTCGCCCCGAAGATTCTATTTCTGATCATTTACACCCCTAAAAAGAGTAGAGCTTTCGTGAAGCCACC
ATGTGTGGAGGAGCTATAATCTCCGATTTCATACCTCCGCCGAGGTCCCTCCGCGTCACTAACGAGTT
TATCTGGCCGGATCTGAAAAACAAAGTGAAAGCTTCAAAGAAGAGATCGAATAAGCGATCCGATTTCT
TCGATCTTGACGATGATTTCGAAGCTGATTTCCAAGGGTTTAAGGATGACTCGGCTTTTGACTGCGAA
GACGATGATGATGTCTTCGTCAATGTTAAGCCTTTCGTCTTCACCGCAACTACTAAGCCCGTAGCTTC
CGCTTTCGTCTCCACTGTAGGTTCAGCATATGCCAAGAAAACTGTAGAGTCCGCTGAGCAAGCTGAGA
AATCTTCTAAGAGGAAGAGGAAGAATCAATACCGAGGGATTAGGCAGCGTCCTTGGGGAAAATGGGCT
GCGGAGATCCGTGATCCGAGAAAAGGCTCCCGAGAATGGCTTGGAACATTCGACACTGCTGAGGAAGC
AGCAAGAGCTTATGATGCTGCAGCACGCAGAATCCGTGGCACGAAAGCTAAGGTGAATTTTCCCGAGG
AGAAGAACCCTAGCGTCGTATCCCAGAAACGTCCTAGTGCTAAGACTAATAATCTTCAGAAATCAGTG
GCTAAACCAAACAAAAGCGTAACTTTGGTTCAGCAGCCAACACATCTGAGTCAGCAGTACTGCAACAA
CTCCTTTGACAACTCTTTTGGTGATATGAGTTTCATGGAAGAGAAGCCTCAGATGTACAACAATCAGT
TTGGGTTAACAAACTCGTTCGATGCTGGAGGTAACAATGGATACCAGTATTTCAGTTCCGATCAGGGC
AGTAACTCCTTCGACTGTTCTGAGTTCGGGTGGAGTGATCACGGCCCTAAAACACCCGAGATCTCTTC
AATGCTTGTCAATAACAACGAAGCATCATTTGTTGAAGAAACCAATGCAGCCAAGAAGCTCAAACCAA
ACTCTGATGAGTCAGACGATCTGATGGCATACCTTGACAACGCCTTGTGGGACACCCCACTAGAAGTG
GAAGCCATGCTTGGCGCAGATGCTGGTGCTGTGACTCAGGAAGAGGAAAACCCAGTGGAGCTATGGAG
CTTAGATGAGATCAATTTCATGCTGGAAGGAGACTTTTGAAGTGATCGATGGTTCCTTAGTTTGTAAA
TAAAGCTGTGTTGGATTTTGCTGTTGGGGGATGGTACAAGTCACACCTCAAGCTCTATGCATTGGTAT
CTCATGAGCCTCTCTTCCATAGAGAGTTTCTCTTTTAATTTTGTCGAAATAAAAAAGGTGTGATGAAG
TAAATAGAGGTATAATAATATCTATCTATTAAGTCTTGTTTTGTTCTTTCATTTTTGTATTTCTTTTC
TATTTAAAAGACAGTTTATTAGTCTTCTGAGCTCTCTTTTTGATCTTTGTTATAGCGTATCATCACCC
TCGAAAGTGTAATGTTTTGTACCCCCAAACTTGTTTAGCATTATAATAAAGTCTCTTTGGAACTTCTC

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 166, AT3G14230.2 fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína 375AA

MCGGAIISDFIPPPRSLRVTNEFIWPDLKNKVKASKKRSNKRSDFFDLDDDFEADFQGFKDDSAFDCE
DDDDVFVNVKPFVFTATTKPVASAFVSTVGSAYAKKTVESAEQAEKSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWA
AEIRDPRKGSREWLGTFDTAEEAARAYDAAARRIRGTKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNLQKSV
AKPNKSVTLVQQPTHLSQQYCNNSFDNSFGDMSFMEEKPQMYNNQFGLTNSFDAGGNNGYQYFSSDQG
SNSFDCSEFGWSDHGPKTPEISSMLVNNNEASFVEETNAAKKLKPNSDESDDLMAYLDNALWDTPLEV
EAMLGADAGAVTQEEENPVELWSLDEINFMLEGDF

SEQ ID NO: 167, NM_180252.1| Arabidopsis thaliana mRNA de fator de ligação / transcrição de DNA (RAP2.2), (RAP2.2) cds completo

GGAGAGTAACATCGAGACAAAGAAGAAAAACTAAAAAAGAGAACCCCAAAGAATCGAATATTTATTAT
TTCGCCCCGAAGATTCTATTTCTGATCATTTACACCCCTAAAAAGAGTAGAGCTTTCGTGAAGCCACC
ATGTGTGGAGGAGCTATAATCTCCGATTTCATACCTCCGCCGAGGTCCCTCCGCGTCACTAACGAGTT
TATCTGGCCGGATCTGAAAAACAAAGTGAAAGCTTCAAAGAAGAGATCGAATAAGCGATCCGATTTCT
TCGATCTTGACGATGATTTCGAAGCTGATTTCCAAGGGTTTAAGGATGACTCGGCTTTTGACTGCGAA
GACGATGATGATGTCTTCGTCAATGTTAAGCCTTTCGTCTTCACCGCAACTACTAAGCCCGTAGCTTC
CGCTTTCGTCTCCACTGGTTCAGCATATGCCAAGAAAACTGTAGAGTCCGCTGAGCAAGCTGAGAAAT
CTTCTAAGAGGAAGAGGAAGAATCAATACCGAGGGATTAGGCAGCGTCCTTGGGGAAAATGGGCTGCG
GAGATCCGTGATCCGAGAAAAGGCTCCCGAGAATGGCTTGGAACATTCGACACTGCTGAGGAAGCAGC
AAGAGCTTATGATGCTGCAGCACGCAGAATCCGTGGCACGAAAGCTAAGGTGAATTTTCCCGAGGAGA
AGAACCCTAGCGTCGTATCCCAGAAACGTCCTAGTGCTAAGACTAATAATCTTCAGAAATCAGTGGCT
AAACCAAACAAAAGCGTAACTTTGGTTCAGCAGCCAACACATCTGAGTCAGCAGTACTGCAACAACTC
CTTTGACAACTCTTTTGGTGATATGAGTTTCATGGAAGAGAAGCCTCAGATGTACAACAATCAGTTTG
GGTTAACAAACTCGTTCGATGCTGGAGGTAACAATGGATACCAGTATTTCAGTTCCGATCAGGGCAGT
AACTCCTTCGACTGTTCTGAGTTCGGGTGGAGTGATCACGGCCCTAAAACACCCGAGATCTCTTCAAT
GCTTGTCAATAACAACGAAGCATCATTTGTTGAAGAAACCAATGCAGCCAAGAAGCTCAAACCAAACT
CTGATGAGTCAGACGATCTGATGGCATACCTTGACAACGCCTTGTGGGACACCCCACTAGAAGTGGAA
GCCATGCTTGGCGCAGATGCTGGTGCTGTGACTCAGGAAGAGGAAAACCCAGTGGAGCTATGGAGCTT
AGATGAGATCAATTTCATGCTGGAAGGAGACTTTTGAAGTGATCGATGGTTCCTTAGTTTGTAAATAA
AGCTGTGTTGGATTTTGCTGTTGGGGGATGGTACAAGTCACACCTCAAGCTCTATGCATTGGTATCTC
ATGAGCCTCTCTTCCATAGAGAGTTTCTCTTTTAATTTTGTCGAAATAAAAAAGGTGTGATGAAGTAA
ATAGAGGTATAATAATATCTATCTATTAAGTCTTGTTTTGTTCTTTCATTTTTGTATTTCTTTTCTAT
TTAAAAGACAGTTTATTAGTCTTCTGAGCTCTCTTTTTGATCTTTGTTATAGCGTATCATCACCCTCG
AAAGTGTAATGTTTTGTACCCCCAAACTTGTTTAGCATTATAATAAAGTCTCTTTGGAACTTCTC

SEQ ID NO: 168, AT3G14230.3 fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína 374AA

MCGGAIISDFIPPPRSLRVTNEFIWPDLKNKVKASKKRSNKRSDFFDLDDDFEADFQGFKDDSAFDCE
DDDDVFVNVKPFVFTATTKPVASAFVSTGSAYAKKTVESAEQAEKSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAA
EIRDPRKGSREWLGTFDTAEEAARAYDAAARRIRGTKAKVNFPEEKNPSVVSQKRPSAKTNNLQKSVA
KPNKSVTLVQQPTHLSQQYCNNSFDNSFGDMSFMEEKPQMYNNQFGLTNSFDAGGNNGYQYFSSDQGS
NSFDCSEFGWSDHGPKTPEISSMLVNNNEASFVEETNAAKKLKPNSDESDDLMAYLDNALWDTPLEVE
AMLGADAGAVTQEEENPVELWSLDEINFMLEGDF

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 169, NM_112550.3| Arabidopsis thaliana mRNA de fator de ligação / transcrição de DNA (ATEBP/RAP2.3), cds completo

ATAAAGGCATTTCAGCTCCACCGTAGGAAACTTTCTCTTGAAAGAAACCCACAGCAACAAACAGAGAA
AATGTGTGGCGGTGCTATTATTTCCGATTATGCCCCTCTCGTCACCAAGGCCAAGGGCCGTAAACTCA
CGGCTGAGGAACTCTGGTCAGAGCTCGATGCTTCCGCCGCCGACGACTTCTGGGGTTTCTATTCCACC
TCCAAACTCCATCCCACCAACCAAGTTAACGTGAAAGAGGAGGCAGTGAAGAAGGAGCAGGCAACAGA
GCCGGGGAAACGGAGGAAGAGGAAGAATGTTTATAGAGGGATACGTAAGCGTCCATGGGGAAAATGGG
CGGCTGAGATTCGAGATCCACGAAAAGGTGTTAGAGTTTGGCTTGGTACGTTCAACACGGCGGAGGAA
GCTGCCATGGCTTATGATGTTGCGGCCAAGCAGATCCGTGGTGATAAAGCCAAGCTCAACTTCCCAGA
TCTGCACCATCCTCCTCCTCCTAATTATACTCCTCCGCCGTCATCGCCACGATCAACCGATCAGCCTC
CGGCGAAGAAGGTCTGCGTTGTCTCTCAGAGTGAGAGCGAGTTAAGTCAGCCGAGTTTCCCGGTGGAG
TGTATAGGATTTGGAAATGGGGACGAGTTTCAGAACCTGAGTTACGGATTTGAGCCGGATTATGATCT
GAAACAGCAGATATCGAGCTTGGAATCGTTCCTTGAGCTGGACGGTAACACGGCGGAGCAACCGAGTC
AGCTTGATGAGTCCGTTTCCGAGGTGGATATGTGGATGCTTGATGATGTCATTGCGTCGTATGAGTAA
AAGAAAAAAAATAAGTTTAAAAAAAGTTAAATAAAGTCTGTAATATATATGTAACCGCCGTTACTTTT
AAAAGGTTTTTACCGTCGCATTGGACTGCTGATGATGTCTGTTGTGTAATGTGTAGAATGTGACCAAA
TGGACGTTATATTACGGTTTGTGGTATTATTAGTTTCTTAGATGGAAAAACTTACATGTGTAAATAAG
ATTTGTAATGTAAGACGAAGTACTTATAACTTCTTAACTGTTTTGTGGTAG

SEQ ID NO: 170, AT3G16770.1 fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína 248AA

MCGGAIISDYAPLVTKAKGRKLTAEELWSELDASAADDFWGFYSTSKLHPTNQVNVKEEA
VKKEQATEPGKRRKRKNVYRGIRKRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAAMAYDV
AAKQIRGDKAKLNFPDLHHPPPPNYTPPPSSPRSTDQPPAKKVCVVSQSESELSQPSFPV
ECIGFGNGDEFQNLSYGFEPDYDLKQQISSLESFLELDGNTAEQPSQLDESVSEVDMWML
DDVIASYE

SEQ ID NO: 171, NM_001066815.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os07g0617000 (Os07g0617000) mRNA, cds completo

AGACTACAAGCCATTAAACAGAGACGACCAACGACTTAACCACACTTCTTCTTTGTGCTGTCCAACCT
CCATTGTTGGGTGTGAAAGCTTTGGCTCATCTGCCATGTGTGGAGGATCCATTCTCGGCGACCTTCAC
TTGCCGGTGCGGCGGACAGTGAACGCCGGTGACCTGTGGGGAGACGCCGGCAAGGGTAGAGATGGTGG
CGACGGCTTGAAGAAGAGGAAGGGGAGTTCTTGGGATTTCGATGTTGATTGCGATGATGATGATGATG
ATGACTTTGAGGCTGATTTTGAGGAGTTTGAGGATGACTATGGCGATGATGATGATGTGGGTTTCGGG
GACGACGACCAAGAATCCGACATGAACGGTCTCAAGCTCGCCGGATTCAGCACCACGAAGCTCGGCCT
CGGCGGCAGCAGGAAGAGGAAGACGCGATACCGAGGGATCCGGCAGCGGCCATGGGGGAAATGGGCGG
CGGAGATCAGGGACCCCCGCAAGGGCGTCCGCGTCTGGCTCGGCACGTTCGGCACCGCCGAGGAGGCC
GCCATGGCGTACGACGTCGAGGCACGCCGCATCCGCGGCAAGAAAGCCAAGGTCAACTTCCCCGACGC
CGCCGCCGCCGCCCCGAAGCGGCCACGGCGTTCTTCGGCGAAGCATTCGCCGCAGCAGCAGAAGGCCA
GGTCGTCGTCGTCGTCGCCGGCGAGCCTGAACGCCAGCGACGCCGTGTCCAAGTCCAACAACAACCGC
GTCAGCTCGGCTGGGAGCAGCACCGACGCCACCGCCGCCGCCATCGCCATCGACGACGGCGTCAAGCT
CGAGCTGCTCTCGGAGACGGATCCTTCTCCGCCCATGGCCGCCGCCGCCGCCGCGTGGCTCGACGCGT
TCGAGCTGAACGATCTTGACGGATCAAGATGCAAGGACAACGCATTCGATCACCAGATTCACAAGGTA
GAAGCGGCTGTCGCTGATGAATTCGCGTTCTACGACGATCCGAGCTACATGCAGCTGGGTTACCAGCT
CGATCAGGGCAACTCGTACGAGAACATCGACGCGCTCTTCGGCGGCGAGGCCGTCAACATTGGTGGAC
TCTGGAGCTTCGACGACATGCCAATGGAGTTCAG

FIGURA 28 (Cont.)

AGCTTATTGAGCATTTGATTCTATTTAGGAGGGAGTGAATTATTTGGGAGGAAGAATCGATGTTGTAA
CTTGTAAAATCTCTGATGATGATCTCTGCATCATATGATCAATTTGAGTGCAGTTTTGTTTTTGTAAA
TACGAATTCTTTATTATGATGTTAGGTTCTTAATTTGCCCTTCTTCATCAGGGATTTGTTCAGGCTTT
TGTTGTGATGACTGATTGGACGAGGGAAAGATTGCGTTTTTTGTTGTCATGTTGGGTACTCTACTCTT
CTGTTCCTAAAGTTGATAAGTGCCAAAATTTGTGAGAGG

SEQ ID NO: 172, LOC_Os07g42510.1|11977.m08483|proteína |AP2-EREBP

MCGGSILGDLHLPVRRTVNAGDLWGDAGKGRDGGDGLKKRKGSSWDFDVDCDDDDDDDFEADFEEFED
DYGDDDDVGFGDDDQESDMNGLKLAGFSTTKLGLGGSRKRKTRYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRV
WLGTFGTAEEAAMAYDVEARRIRGKKAKVNFPDAAAAAPKRPRRSSAKHSPQQQKARSSSSSPASLNA
SDAVSKSNNNRVSSAGSSTDATAAAIAIDDGVKLELLSETDPSPPMAAAAAAWLDAFELNDLDGSRCK
DNAFDHQIHKVEAAVADEFAFYDDPSYMQLGYQLDQGNSYENIDALFGGEAVNIGGLWSFDDMPMEFR
AY

SEQ ID NO: 173, NM_001055714.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os03g0183200 (Os03g0183200) mRNA, cds completo

CTCGCGCCATCCAAGCGCCCGCCTCTATATATGCGCGCCGCCACCATGTCCAGCTCCGGCAACTAGCT
ACTGCGAAGTGCGAACTGATCAGATCGTCGAGAGGAAACCCAAGATCCAACGACGACATGTGTGGCGG
CGCGATTCTGGCTAACATCATACCGGCCACCCCACGCCCCCGCAAGTGCCGCCCCACCACCGCCACCG
CCACCCCCAAGGCGACGACACCGAACGTCGTCGTCGTCGTCAACCTCGTCGACAAAGAGGCCGAGGTC
AGCGAGAGCTCCGGTGCCAGCAGCAGCGCGCTGCCGGACTTCTCGTGGCAGGGCATGTCGGCGTCGTC
CGACGACGACGCCGCGGCGCAGCAGGCACTCCTCGACGCCGCCGGCGGCGCCAAGAAGCGTCCCCGGA
GCGAGCCCCACGTCACCTCCGACGACGAAGTGCTCCCGGCGTCATTCGACAGTGACAACAACACCGCC
GCCGCCGGCCTGCTCCCGCTCGACGATCCTTTCTTGTTCGGCGACCAGTTCGGCGACCTCAACGGCGG
CGCGTTCGCCTCGCTCATGGACGGGCTGTTCGCCGCCGGTGAAGCGAACGTCGCCGGCGAGAGCGTGG
GGCTCTGGAGCTTCGGCGACGACTTTCTCAACGCGTCGTACTATTAGCTAGGGCTTCCATAGTTCTTG
TACTTTACTTGTACTGTACTGTATTGTACTGATTGTTAACGTTGCCATAAAGCAATCTTGCTAGTTTG
T

SEQ ID NO: 174, LOC_Os03g08490.1|11973.m06357|proteína |AP2-EREBP

MCGGAILANIIPATPPRPATAAHVWPGGDGEKRRKVGGGGCDDDFEAAFERFGREDSEMEEEEVEEVV
VGKKAAVRRRRATPAAGRRARPSKYWGVRRRPWGKWAAEIRDPVEGVRVWLGTFATAEAAAHAYDAAA
RDLRGATAKLNFPSSSSSTAATPRPRKCRPTTATATPKATTPNVVVVVNLVDKEAEVSESSGASSSAL
PDFSWQGMSASSDDDAAAQQALLDAAGGAKKRPRSEPHVTSDDEVLPASFDSDNNTAAAGLLPLDDPF
LFGDQFGDLNGGAFASLMDGLFAAGEANVAGESVGLWSFGDDFLNASYY

SEQ ID NO: 175, NM_001055715.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os03g0183300 (Os03g0183300) mRNA, cds completo

TCATCACAAGCTCACAAGTTCACAACCCAACACCCAAAAGCAAAAGAAAAGCAGCAACCAAAGATGTG
CGGCGGAGCGATCCTTGCGGAGCTCATACCGAGCGCGCCGGCGGCGAGGCGCGTCACGGCGGGCCACG
TCTGGCCGGGCGACGCCAACAAGGCCAAGAAGAAGGGCGCGCGCGCCGACGACTTCGAGGCCGCGTTC
CGCGACTTCGACAACGACTCCGATGACGAGGAGATGATGGTGGAGGAGGCGGAGGAGGAGGAGGCGAC
CTCCGAGCACAAGCCGTTCGTCTTCCGCGCCAAGAAGGCGGCGGCGGCGGCGTCGAGC

FIGURA 28 (Cont.)

AGGCGCAGGAAGCCGGCGCAGTACAGGGGCGTGCGGCGCCGGCCGTGGGGGAAGTGGGCGGCGGAGAT
CCGCGACCCCGTCAAGGGCATCCGCGTCTGGCTCGGCACCTTCACCAACGCCGAGGCCGCCGCGCTCG
CCTACGACGACGCCGCGCGCGCCATCCGCGGGGACAGGGCCAAGCTCAACTTCCCTTCCGCTACCACC
CCTGACACCCGCAAGCGCGGCCGCGCCACCGCCGCCGCCGCCCCGGCCGTCAAGGCGACCCCGGTCAT
CAACCTCGTCGAGGAGGAGGACGAGGAGGAGGTCGCCGCCGCCATGGCGTCCATCAAGTACGAGCCCG
AGACCAGCGAGAGCTCCGAGTCGAACGCCCTCCCGGACTTCTCCTGGCAGGGCATGTCGGCCTCCGAC
GAGTTCGCCGTCGCCGCGGCGGCGCTGTCGCTCGACAGCGACGACGACCTCGCCAAGAAGCGTCCGAG
GACCGAGCCGGAGGACACCACCGACTCCGGCTCCGGCGACGACACCGACGCGCTGTTCGACGCGCTGC
TGTTCGCCGACCAGTACAACCACTTCAACGGCGGCGCCTACGAGTCCCTGGACAGCCTGTTCAGCGCC
GACGCCGTGCAGACCACCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGACCAGGGCATGGGGCTCTGGAGCTTCGACGA
CGGCTGCTGCCTCGTCGACGTCGAGGCCAGCTTGTCCTTCTAGGCTCTAGCCGTCGTCTCCGGCGACC
CTGTGACTCGATCTTGTACCATGTCATGTACATAGAAGAGTGGTTTTGCCAAGCAAGCATGTGTTCGT
CCTGGTTCCTTTCGGTAATGAAAAATTATGTGAGGCTTCTCGTTCT

SEQ ID NO: 176, LOC_Os03g08500.1|11973.m06358|proteína |AP2-EREBP

MCGGAILAELIPSAPAARRVTAGHVWPGDANKAKKKGARADDFEAAFRDFDNDSDDEEMMVEEAEEEE
ATSEHKPFVFRAKKAAAAASSRRRKPAQYRGVRRRPWGKWAAEIRDPVKGIRVWLGTFTNAEAAALAY
DDAARAIRGDRAKLNFPSATTPDTRKRGRATAAAAPAVKATPVINLVEEEDEEEVAAAMASIKYEPET
SESSESNALPDFSWQGMSASDEFAVAAAALSLDSDDDLAKKRPRTEPEDTTDSGSGDDTDALFDALLF
ADQYNHFNGGAYESLDSLFSADAVQTTAAAAAADQGMGLWSFDDGCCLVDVEASLSF

SEQ ID NO: 177, fator de ligação / transcrição de DNA de Arabidopsis thaliana (AT1G72360) (gi|12325262:c71325-71139, c71053-70452) Arabidopsis thaliana , cromossomo 1 BAC T10D10 seqüência genômica, seqüência completa

ATGTGCGGAGGAGCTGTAATTTCCGATTACATAGCGCCGGAGAAGATTGCGAGATCATCTGGAAAGTC
TTCCTGGAGAAGTAATGGCGTCTTTGACTGCTCAATCTACGATTTCGATGGAAATTTCGATGAATTAG
AGTCCGATGAGCCATTTGTCTTCTCCTCTACTCACAAACATCATGCTTCAGGCTCAGCATCAGATGGG
AAGAAGAAACAGAGCAGTCGGTACAAAGGAATCAGAAGAAGGCCTTGGGGAAGATGGGCGGCTGAGAT
ACGTGATCCAATCAAAGGAGTTCGAGTTTGGCTCGGGACTTTCAACACAGCTGAAGAAGCTGCAAGAG
CTTATGATCTTGAAGCTAAGAGAATCCGTGGAGCCAAAGCTAAGCTCAATTTCCCTAACGAATCCTCT
GGAAAGAGGAAAGCCAAGGCTAAGACTGTGCAACAGGTAGAGGAGAATCATGAGGCTGATCTTGATGT
GGCGGTGGTAAGCTCAGCGCCTAGTAGTAGCTGTCTTGATTTCTTGTGGGAGGAGAATAATCCGGACA
CGCTTCTGATTGATACACAATGGCTCGAAGATATCATCATGGGCGATGCGAATAAGAAACATGAACCT
AATGATAGTGAAGAAGCCAACAACGTTGATGCTTCTCTGCTTTCTGAAGAGCTTCTTGCTTTTGAGAA
CCAGACCGAATATTTCTCGCAGATGCCTTTTACGGAGGGAAACTGTGATTCCTCAACGTCTCTGAGTA
GTCTCTTTGATGGAGGCAATGACATGGGTCTATGGTCCTGA

SEQ ID NO: 178, AT1G72360, AAG52589.1|AC016529_20 fator de transcrição de domínio AP2 putativo ; 71325-70452 [Arabidopsis thaliana]

MCGGAVISDYIAPEKIARSSGKSSWRSNGVFDCSIYDFDGNFDELESDEPFVFSSTHKHHASGSASDG
KKKQSSRYKGIRRRPWGRWAAEIRDPIKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDLEAKRIRGAKAKLNFPNESS
GKRKAKAKTVQQVEENHEADLDVAVVSSAPSSSCLDFLWEENNPDTLLIDTQWLEDIIMGDANKKHEP
NDSEEANNVDASLLSEELLAFENQTEYFSQMPFTEGNCDSSTSLSSLFDGGNDMGLWS

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 179, NM_001055711.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os03g0182800 (Os03g0182800) mRNA, cds completo

CCCGCGTCGCGCCATAGCGACGTCTCTCCCGGAGAAAGAAGAGCGCGCCGCGCCATGTGCGGCGGTGC
AATCCTCGCCGATTTCACCCCGGCGAGGGTGCCCCGGCGGCTGACCGCCGCCGAGCTCCTGCCGGTGA
CCCCGACTCCCCCCGCCGCCGAGAGGAGAACCACCCGGAAGCGCAAGTCCGACGTCGACTTCGAGGCG
GAGTTCGAGCTTTTCGAGGACGACGACGACGACGATGAGTTCGAGCTTTCCGACGATGGCGACGAGAG
TTTGGCCGTGTCATGTGTGTCGTCCCCCAAGTCGAAGGCAGTACCTTCGTTTTCTTTTTCGTCGGATG
TCTCCTCGAGCTCCAGGCCGCGGCGGCGCGTGGCGGCGGCGGCGGCCGGTCGTCGGAAGGCGAGCAAG
AAGAGCAAGTACAGGGGCGTCCGGCGCCGGCCGTCGGGGAGGTTCGCGGCGGAGATCAGGGACCCCAA
GAAGGGGCGGCGCGTGTGGCTCGGCACGTACGGCAGCGCCGAGGAGGCCGCCATGGCCTACGACCGCG
AGGCCCGCCGCATCCGCGGCAAGGGCGCGAGGCTCAACTTCCCCCGCGACGGCGATGGCTCCCCTCGC
CGGAGTAACGACCGGCCCTGCTGGACCATCGACCTCAACCTCCCCGCGGCGGCCGTCTCCGGTGACGA
CGACGACGCCATGGCCGTCGACGCCGCAGACGCAGACGCAGGCAGTGCTGGCCGTGCAGCAGCCTATG
CAGATCAAGAAGCACTGAGCGCGGCAAAGTGCAAGATCAAGCAGTGTCCTCGCGACGAACAGATGGCG
AGCGCCACACCTGAGCTCATGGAGGAGGACGCGAGCAGCAGCAGAAACATGGTGCCCCTGTCCATGGC
GCTGCAGCTGCAGTATGCGGCGATGATCGCCGAATGCGACCGCGAGATGGAGGAGATCGCCGCCGTGG
AGAGGGACCTCGAGAGGCGCAGGAGGCAGGTGTTCGAGCGCAGAGGCCACCTGGTCAGGCAGGCCTCT
CTTCTGCTCGACTGACGATCTTGCTGAACTGAACTCTGAATGTTTGAGCTTGTCTGAAGTCTGAACTC
TGCACTATGCCATATGGTGTTTCACCTTCACTGTGAGGCTGACATGTGGGCCAGACGTCCGTTTGCCT
TGCTTGCTTTTGAGCTGCAACTGGGCGTTGTGCTGCAAGCCTGCAAAGTGCCTGTGTAAAGTTTGTGG
GATTGTGTGTGTGGATCTTGTATCCTTGTGACTTTGCAAGCTTTAATTTTGTGAGGAACAATAGTATT
TTAGATTGGTGTGTAAAATATAGAAATAAATAATAGTAGCAACTAAATTTTGGTTTTCAGCTCTTCAT
CAGATGGTTTGTCATGGGAACAAAATTTCAAACATGAGCAAATTAAGGTCATGTTATTATCAATTGTG
AT

SEQ ID NO: 180, LOC_Os03g08460.1|11973.m06354|proteína |AP2-EREBP

MCGGAILADFTPARVPRRLTAAELLPVTPTPPAAERRTTRKRKSDVDFEAEFELFEDDDDDDEFELSD
DGDESLAVSCVSSPKSKAVPSFSFSSDVSSSSRPRRRVAAAAAGRRKASKKSKYRGVRRRPSGRFAAE
IRDPKKGRRVWLGTYGSAEEAAMAYDREARRIRGKGARLNFPRDGDGSPRRSNDRPCWTIDLNLPAAA
VSGDDDDAMAVDAADADAGSAGRAAAYADQEALSAAKCKIKQCPRDEQMASATPELMEEDASSSRNMV
PLSMALQLQYAAMIAECDREMEEIAAVERDLERRRRQVFERRGHLVRQASLLLD

SEQ ID NO: 181, NM_001061846.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os05g0361700 (Os05g0361700) mRNA, cds completo

AGAAGAAAAGCCTTGTGAGTTGGTAATTGATAGTAGCAAGACAATGTGTGGGGGAGCGATCATCGCCG
ACTTCGTCCCGCCCGCCGGCGCCCGCCGCGCCGCTGCCTCCGACATCTCCGACAACGCCGTCCTCTCC
GCTGCCGGTGCCGGTGACGAGTCGTTCGCGGCGGCCAAGGCGCCGGCGCCGGGGAGGAAGACGGCGTA
CCGCGGCATCCGGCGCCGGCCGTGGGGACGCTGGGCGGCGGAGATCCGCGACCCGAGGAAGGGCGCCC
GCGTCTGGCTCGGCACCTACGCCACCGCCGAGGAGGCCGCCCGCGCCTACGACGTCGCGGCGCGCGAC
ATCCGCGGCGCCAAGGCCAAGCTCAACTTCCCCCCGACCATCGGCGCCGCCGCCGCGCCACCGCCGCC
CAAGAAGCGACGCAAAGCCGCCGCCGCGGCGAACCACCACCACCACCACCACCAGCAGGAGAGCTCAG
GCTCCTCGTCGGCGTCGTCGCTGCCTCCCACCCCGCCGCCGGCCGCCGAGCACCAGCTCCGCGAGTGC
ATGTCCGGGCTGGAGGCGTTCTTGGGCCTCGAGGAGGAGGAGGACGACGGCGGCGCCGGTGAGCCATG
GGACGCCGTCGACATGATGCTCGAGTAGGCTCGCCGGGAATGGCAGCG

FIGURA 28 (Cont.)

TTGCCATGCTCATGCATCCAAGCTTATTCATGCATGCAGCAGCAAGATATACAACTTTAGTACTACTA
CTATGTTAATTACTACTTACTGCGTAGGTAAATGAAATAAAATGGGGTTGGTTAATTAGGGTGTTCTT
CTGGGAATCCTTGGCTTTGCTAATTGCTAGTACTACTATGTACTTTGGCGTTAAGCATTGCATTGCCA
GGTGATGCATGTCATGTAATCGTGGTAATTATATGGCCGTCCTCCTAGAGCTAGCTAGCAGATTAGAT
TTACTATATAAAGTGGTAGTAGAAATATATGTCCTCCTAGAGCTAACTAGTGTCTTGTAATGATTTCA
GACTTCTTGGGCAACATGAGCAATGCATTTCGACTTCCACTTTACATCT

SEQ ID NO: 182, LOC_Os05g29810.1|11975.m07218|proteína |AP2-EREBP

MCGGAIIADFVPPAGARRAAASDISDNAVLSAAGAGDESFAAAKAPAPGRKTAYRGIRRRPWGRWAAE
IRDPRKGARVWLGTYATAEEAARAYDVAARDIRGAKAKLNFPPTIGAAAAPPPPKKRRKAAAAANHHH
HHHQQESSGSSSASSLPPTPPPAAEHQLRECMSGLEAFLGLEEEEDDGGAGEPWDAVDMMLE

SEQ ID NO: 183, NM_001056603.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os03g0341000 (Os03g0341000) mRNA, cds completo

ACCTCGCTCTCCTCGTCACCGCGATCGATCGATCGCCGCCGGTTTAGATTTCCTTCCTACGCGGACCG
CACCCACGCGCTAGGTTTAGCTAGCTAGTTTGCTTGCGCGCAAGCGTCGATCGAGCTAGCTAGTGAAG
ATAGATATGTGCGGCGGCGCCATCCCGCTGATCAGCAGCCGCGGCCCCGGCGGCAAGAGGAGCCTCTC
CGCCGCCGATGAGCTCTGGCCGCCGCCGCCGCAGCACGCCAGCGACGACCCGGCCGAGCAAGCGGCGG
CGGATGAGGAGGAGCAGGAGCAGCAGCCGGCGGCGAGGAGGCAGCGGCGAGGGGAGCGGAGGACGCTG
TACCGGGGCATCCGGCGCAGGCCGTGGGGGAAATGGGCGGCGGAGATCCGCGACCCGGCCAAGGGCGC
CCGCGTCTGGCTCGGCACCTTCGCCACCGCCGAGGCTGCCGCGCGGGCCTACGACCGCGCCGCCCGCC
GCATCCGCGGCACCAAGGCCAAGGTCAACTTCCCCAACGAGGACAACGCCTTCGCCGCCGCGCCGCCG
CCGTACCACCTCGCCGCCTACTACGGCGACGCCTCCTCCACCTCCTACCTCTACCCGATGGCCATGAC
GCCCGCCGCCGCCGGACTGAGGGAGCAGCAGCTGATGACGACGACGGCGGTGGAGTACAGCGTTAATG
ACGCCGTCGACGTGGCCAGCGTTTACTTCCAGCCGCCGCCGCCGGCGGTTGCTTACGAGTTCAGCGCC
GTCGGCGGTGGCGCCGTCGTCGTGCCGGTGTCGGCGGTGGCGCCGGCGATGACGTACGGACAGAGCCA
AGAGGTGGCGGCTCCGCTCATGTGGAATTTCGATGACATCACGGCCATGCCAATGTGATTGTCTTACC
GTGGAGATTAAGGCATTTAAAGGCTTATAGATAACATAAATTTGCCATGTATGATCAATGGTTAATTC
CTATTGCTCAAGGGCTTATATTAAGGGTTACCTACACGGCATGGCTAGCTTAGCCTACAATTTATGTT
TCTTGCATTTCTTTCTCTTTTTTTGAGATGAGCTAGTGTGTTATACTATTTGTTCATCTTTTCTGGTA
GTGGTGGATACATTTTCGCCGGCTAGGGTTGGAATTTGTAAATAGAAGATGGTCAATAATAAGATTGT
TTCTGGCT

SEQ ID NO: 184, LOC_Os03g22170.1|11973.m07620|proteína |AP2-EREBP

MCGGAIPLISSRGPGGKRSLSAADELWPPPPQHASDDPAEQAAADEEEQEQQPAARRQRRGERRTLYR
GIRRRPWGKWAAEIRDPAKGARVWLGTFATAEAAARAYDRAARRIRGTKAKVNFPNEDNAFAAAPPPY
HLAAYYGDASSTSYLYPMAMTPAAAGLREQQLMTTTAVEYSVNDAVDVASVYFQPPPPAVAYEFSAVG
GGAVVVPVSAVAPAMTYGQSQEVAAPLMWNFDDITAMPM

SEQ ID NO: 185, NM_001071041.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os10g0390800 (Os10g0390800) mRNA, cds completo

GTCTCAAACCCAATCAAACTCCAACCAAACTCACCTACCTACCCCCAACCCATCCAGAGCTAGAGCTA
TGTGCGGCGGCGCGATCCTCGCCGACCTCATACCGTCGCCGCGCTCCGGCGGCCACACCAAAAAGAAC
AAGCGGCGGCGGATCAGCGACGACGAGGACTTCGAGGCCGCCTTCGAGGAGTTCGACGCCGG

FIGURA 28 (Cont.)

CGACGACGACTCCGACTCCGACTCCGAGTCCGAGGAGGTAGACGAGTACGACGTCGTCGTCGACGACG
ACGACAGCGAGGACGGCGTGGTGGTTCTTCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGCCGGTGATTCCACATGAG
CGCCATGGCGCGAGGCGGTTCCGCGGCGTGAGGAAGCGGCCGTGGGGGAAGTGGGCGGCGGAGATCCG
CGACCCCGTGCGCGGCGTGCGCGTCTGGCTCGGTACCTTCCCCACCGCCGAGTCCGCCGCGCGCGCCT
ACGACGCCGCCGCCCGCCGCCTCCGCGGCGCCAAGGCCAAGCCCAACTTCCCCTCCGCGCCGCCGCCC
TCGGCTGCTGCTCACCGCCGCAAGAAGCGCCGCGCCCACGCCGCCACGCGCTCGCCGTCGTCTCCGCC
CGCCACCAGCGAGGTCACGGCGGCGTCCGCGTCCGCGTCCAGCGATGTCCCCGCGCCGGCGTTCGCTT
CCTTCGTCGGCGAGCCCGGGCACGGCGGCGCCAAGTCGATGCCGACGACGAGCCACACCTCGCAGCCA
GCCCCGCCGGCGACGGTGGCGTCCGAGAACGTCGACGACCCGGAGGTGTTCGACCCGTACGACGTCCA
CGGCGGCCTCGCCTCCTACTTCGCCGGCGGCGCGTACGAGTCCCTGGAGAGCCTGTTCGCGCACGGCG
GCGACAGCGCCGCCGTCGACCAAGCGGCGAGCGACCACTGGCCGGCGGCGCTATGGAGCTTCGCAGAC
GACGGCTCGTTCTGCTTCTGATGCTGTCAAATCACATCGCCATTGGCGGCCATTGCAAGCCATGGCAT
GGCACCTGATGATGCTGATCCAGTGAACTGGTCACTCGTTCTTGATGCGTTTTCAGTTTCTTGTACAG
TGTTTTTCCCCAGCAACAGTGAAGTAGTATTCAGTTATTCACTGTTCAGTCATGAGTTCATCGCAAAA
TATGATGTAAGTATGTGTCTTGAGATTGTTTTAGCAGTGGCTTTTGTTTGTATAATGTATTTCTCTGT
AATTAATTAATAGCTGTTTTCAGTGATAAACTAAATTTTCTG

SEQ ID NO: 186, LOC_Os10g25170.1|11980.m05467|proteína **|AP2-EREBP**

MSQTQSNSNQTHLPTPNPSRARAMCGGAILADLIPSPRSGGHTKKNKRRRISDDEDFEAAFEEFDAGD
DDSDSDSESEEVDEYDVVVDDDDSEDGVVVLPPPPPPPPVIPHERHGARRFRGVRKRPWGKWAAEIRD
PVRGVRVWLGTFPTAESAARAYDAAARRLRGAKAKPNFPSAPPPSAAAHRRKKRRAHAATRSPSSPPA
TSEVTAASASASSDVPAPAFASFVGEPGHGGAKSMPTTSHTSQPAPPATVASENVDDPEVFDPYDVHG
GLASYFAGGAYESLESLFAHGGDSAAVDQAASDHWPAALWSFADDGSFCF

SEQ ID NO: 187, gi|46093789:c67744-67046 Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) genomic DNA, chromosome 9, PAC clone:P0663H05

ATGCGCCGCCGCGTCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTCGTCCTCGTCGCCGGCGAGGCATCACAAGGC
GCGGCGCAGCAGGAGGAAGCTCGCCGTCGACGAGGACTGGGAGGCCGCCTTCCGCGAGTTCCTCTCCC
GCGACCACGACGACGACGACGACGACCACGACGGTCAGCATGTCGTTGTTGCGCCGTTGATCCGTGGT
AGTGACAAGTGCGTCCACGGCCACGAGGTGGTGGCGTCGACGGTCGGCGGTGGCGCAAGCGGCGGACG
ACGACGAGCCGACGACGACGACGGCGAGCGGCGGCGGCGGCGGCGGAGGGAGAAGCGGAGCTACCCGT
ACCGCGGCATCCGGCAGCGGCCGTGGGGGAGGTGGGCGTCGGAGATCCGCGACCCCGTCAAGGGCATC
CGCGTCTGGCTCGGCACCTTCGACACCGCCGAGGGCGCCGCGCGCGCCTACGACGACGAGGTTCGCCG
CATCTACGGCGGCAACGCCAAGACCAACTTCCCCCCATCGCCGCCCACGCCGCCGCCGCCGGAGAAGC
CAGCGGCGGAGAGGAGCCCCTCGACGACGCCGACGACGACCACGGAGGACTCCGGCGACTCGCGCATA
CTCATCGAGTGCTGCTCCGACGACCTGATGGACAGCCTCCTCGCCGCCTTCGACATGACCACCGGCGA
CATGCGCTTCTGGAGCTAA

SEQ ID NO: 188, LOC_Os09g11460.1|11979.m04408|proteína **|AP2-EREBP**

MRRRVSSSSSSSSSSPARHHKARRSRRKLAVDEDWEAAFREFLSRDHDDDDDDHDGQHVVVAPLIRG
SDKCVHGHEVVASTVGGGASGGRRRADDDDGERRRRRRREKRSYPYRGIRQRPWGRWASEIRDPVKGI
RVWLGTFDTAEGAARAYDDEVRRIYGGNAKTNFPPSPPTPPPPEKPAAERSPSTTPTTTTEDSGDSRI
LIECCSDDLMDSLLAAFDMTTGDMRFWS

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 189, AY044235.1| mRNA de fator de transcrição de JERF1 de Lycopersicon esculentum (JERF1), cds completo

TTCAAATTGAGCTTTTTCTCCATTAAAATTCTCTCTGCAAATTTATAGTTTTTCTTTTTTCACTTTTT
GAGAAGAAATCAAAAGCTATGTGTGGTGGTGCAATTATCTCCGATTTGGTACCTCCTAGCCGGATTTC
TCGCCGGTTAACCGCTGATTTTCTATGGGGTACATCCGATCTGAACAAGAAGAAGAAGAACCCTAGTA
ATTACCACTCAAAGCCCTTGAGGTCTAAGTTTATTGACCTTGAAGATGAATTTGAAGCTGACTTTCAG
CACTTCAAGGATAATTCTGATGATGATGATGATGTGAAGGCATTTGGCCCCAAATCCGTGAGATCTGG
TGATTCAAACTGCGAAGCTGACAGATCCTCCAAGAGAAAGAGGAAGAATCAGTACCGGGGGATCAGAC
AGCGTCCTTGGGGTAAGTGGGCAGCTGAAATACGTGATCCAAGGAAAGGTATTCGAGTCTGGCTTGGT
ACTTTCAATTCAGCCGAAGAGGCAGCCAGAGCTTATGATGCTGAGGCGCGAAGGATCAGAGGCAAGAA
AGCTAAGGTGAACTTTCCTGATGAAGCTCCAGTGTCTGTTTCAAGACGTGCTATTAAGCAAAATCCCC
AAAAGGCACTTCGTGAGGAAACCCTGAACACAGTTCAGCCCAACATGACTTATATTAGTAACTTGGAT
GGTGGATCTGATGATTCGTTCAGTTTTTTCGAAGAGAAACCAGCAACCAAGCAGTACGGCTTCGAGAA
TGTGTCTTTTACTGCTGTAGATATGGGACTGGGCTCAGTTTCCCCTTCAGCTGGTACAAATGTTTACT
TCAGCTCTGATGAAGCAAGTAACACTTTTGACTGCTCTGATTTCGGTTGGGCTGAACCGTGTGCAAGG
ACTCCAGAGATCTCATCTGTTCTGTCGGAAGTTCTGGAAACCAATGAGACTCATTTTGATGATGATTC
CAGACCAGAGAAAAAACTGAAGTCCTGTTCCAGCACTTCATTGACAGTTGACGGTAACACTGTGAACA
CGCTATCTGAAGAGCTATCGGCTTTTGAATCCCAGATGAAGTTCTTGCAGATCCCATATCTCGAGGGA
AATTGGGATGCATCGGTTGATGCCTTCCTCAATACAAGTGCAATTCAGGATGGTGGAAACGCCATGGA
CCTTTGGTCCTTCGATGATGTACCTTCTTTAATGGGAGGTGCCTACTAAGCTGCATACACATCTTCCC
CTGCTAAGTTTTGTAAATAACGCTTCATTTGAGTGAAGTTTGCGCCTGCGTTTACGTTTATCACCAAA
CTAAAAGACTATATATGTGTTGTATTAATTTATTCAAAATTTACTCGTTTGATATATGTAAGTATGTA
TCCTTGTTTTCATAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 190, AAK95687.1| fator de transcrição JERF1 [Lycopersicon esculentum]

MCGGAIISDLVPPSRISRRLTADFLWGTSDLNKKKKNPSNYHSKPLRSKFIDLEDEFEADFQHFKDNS
DDDDDVKAFGPKSVRSGDSNCEADRSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGIRVWLGTFNSAE
EAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDEAPVSVSRRAIKQNPQKALREETLNTVQPNMTYISNLDGGSDDS
FSFFEEKPATKQYGFENVSFTAVDMGLGSVSPSAGTNVYFSSDEASNTFDCSDFGWAEPCARTPEISS
VLSEVLETNETHFDDDSRPEKKLKSCSSTSLTVDGNTVNTLSEELSAFESQMKFLQIPYLEGNWDASV
DAFLNTSAIQDGGNAMDLWSFDDVPSLMGGAY

SEQ ID NO: 191, NM_001069317.1| Oryza sativa (cultivar-grupo japônica) Os09g0287000 (Os09g0287000) mRNA, cds completo

AGATATTCAGACACACACCTTCAATAACTTGCAAGGATAACTCAAACTACTTGAATCAGATCAGACAA
AAACATCATAAGAATATCACGATGTGTGGAGGAGCACTGATCCCGAACGACTATGGCGACAAGCCGCC
GCCGCCGCCGTCGGAGTCGTCGGAGTGGGACGCCACAACGAAGATGAAGAAGAAGAAGAAGCGTGGTG
GCGGCGGCGACGACGACTGGGAGGCCGCCTTCCGGGAGTTCATCGCTGGCGACGACGACGACGACGAC
GGCGGCGTTTCCATGTTCCCTTCTGGTGCAGGGACGATGGAGACGACCACAGAGGTGGCGCCGGCGGC
GGCGGTGGTGGAGAGGCCGCGGCGGCGGCGAAGGGTGAGGCGGAGCTACCCGTACCGCGGCGTCCGGC
AGCGGCCGTGGGGGCGGTGGGCGTCGGAGATCCGCGACCCCGTCAAGGGCGCCCGCGTCTGGCTCGGC
ACCTTCGACACCGCCGTCGAGGCCGCGCGCGCCTACGACGCCGAGGCGCGCC

FIGURA 28 (Cont.)

GCATCCACGGCCACAAGGCAAGGACCAACTTCCCGCCCGACGAGCCTCCGCTGCCGGCGCCATCGCAG
GCGCCGTTCTGCTTCCTGCTCGACGACGACGACGACGACGACGGCGTGGCCCGTGGAAACAGCCCGGC
GTCGTCGTCGGCGCCGGACAGAGCCTCCGCTTGCACGACGTCGTCGACGGTGGCGTCCGGCGAGCGAG
GCGATGAGCTCATACTGCTGGAGTGCTGCTCCGACGACGTGATGGACAGCCTCCTCGCCGGCTTCGAC
GTGTCCAGCGAACCACGCAGTGTTTTGGGAATGGTTAATTAGCAGCGCGCACGCCTGATTAGATCGGT
ACATGTGAAGTACAAGAGAAGTAGTTACTACTAGCTAGGAGCAAATTAACTTGGAGTGCAAGAATAAA
ATATGCATGTCTCTGCACTACTACTGTAGTGTTAGCAAGTTTGCTCATTGTTCTGTTGTATCCTTTCA
TGTCCATTTCAGACTTCCCAATGCTACATAAGGATGTACATATGTATGATGTTGTGTGCCTTGTTAAT
CAATGAATGTAAATATCTTTATATTGCTTTTGTAC

SEQ ID NO: 192, LOC_Os09g11480.1|11979.m04410| proteína **|AP2-EREBP**

MCGGALIPNDYGDKPPPPPSESSEWDATTKMKKKKKRGGGGDDDWEAAFREFIAGDDDDDDGGVSMFP
SGAGTMETTTEVAPAAAVVERPRRRRRVRRSYPYRGVRQRPWGRWASEIRDPVKGARVWLGTFDTAVE
AARAYDAEARRIHGHKARTNFPPDEPPLPAPSQAPFCFLLDDDDDDDGVARGNSPASSSAPDRASACT
TSSTVASGERGDELILLECCSDDVMDSLLAGFDVSSEPRSVLGMVN

SEQ ID NO: 193, AY383630.1| mRNA de JERF3 de Lycopersicon esculentum, cds completo

GACAATTATACATTTTCCGTCAAAACATAAATCATGTGTGGTGGTTCTATAATCTCCGATTACATAGA
CCCTAGCCGGACTTCTCGCCGGCTCACCGCCGAGTTTCTATGGGGTCGTTTCGATCTCGGTAAGAAGC
AAAAAAATCCCAACAATTATCACTCTAAAGCTAAGCATTTGCGATCTGAAGTTGTTGACGACTTTGAA
GCCGATTTTCAGGACTTCAAAGAGTTATCCGATGATGAGGATGTTCAAGTCGATGTCAAGCCATTTGC
CTTCTCTGCTTCCAAACACTCTACTGGTTCCAAATCTTTGAAAACTGTTGATTCAGACAAGGATGCTG
CTGCTGATAAATCCTCTAAGAGAAAGAGGAAGAATCAATATAGAGGGATCAGACAGAGACCTTGGGGT
AAGTGGGCAGCTGAAATACGTGACCCAAGGAAAGGGGTTCGGGTCTGGCTGGGAACCTTCAATACTGC
AGAAGAAGCTGCCAAAGCTTATGATATTGAGGCGAGGAGGATCAGAGGCAAGAAGGCTAAGGTAAACT
TTCCTGATGAAGCTCCCGCCCCTGCATCAAGACACACTGTTAAGGTGAATCCTCAGAAGGTCCTTCCT
GAGGAGAGCCTGTATTCACTTCAGTCCGACTCAGCAATCATGAACAGCGTGGAGGATGACCATTATGA
TTCTTTTGGATTTTTTGAAGAGAAACCCATGACAAAACAGTATGGATATGAGAATGGGAGCAGTGCTT
CTGCAGATACGGGATTTGGTTCGTTCGTCCCTTCAGCTGGCGGTGATATCTACTTCAACTCTGATGTA
GGAAGCAACTCTTTTGAATGCTCTGATTTTGGTTGGGGAGAGCCATGCTCCAGGACTCCAGAGATATC
ATCTGTTCTGTCAGCTGCTATTGAATGTAATGAAGCTCAATTTGTTGAAGATGCCAATTCTCAGAAAA
AGTTGAAATCATGCACCAACAACCCCGTAGCTGATGATGGAAACCCCCGTTACTATGGTACCTGAAGA
GCTTCCAGCTTTTGAACCTCAGATGAATTTCTTTCATCTCCCATATATGGAGGGAAATTGGGATGCAT
CAGGTGGTAACTTCCTCAACACAAGTGCAACTCAAAATGGTGGTGAAAATGCTATGGACCTGTGGTCC
TTTGATGATGTTCCTTCTTTAATGGGAGGTATCTTTTAAGTCAACATGCCTTGAGTTTTGTAAATAAG
GCTTCATGTGAGTGATTTTTTGCTGTTGTATAATGTACTTAGTGCAAATATTTGATATGTTAATTTGA
TCTCCGTTAACTTGTTCTTTTAGGTGTGTCTGGTGGTGGAAGAAGAATGATCCACAGAGAACCATGAT
TAAGCCATGGATAATGCACTAAGTAGAGCAGTGCATAGGTAATTAGGTTTAATTAACTACTAGTAGAG
ATGTTAAATTCGAGTTTTACTTAAAAACAATTGGGCTGTATGGATTATGAGAATTGATGAGACCTCGA
TGCTTGCTATAACGTTACCTTTTTAGTGTTGCTTTCACAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 194, AAQ91334.1| JERF3 [Lycopersicon esculentum]

MCGGSIISDYIDPSRTSRRLTAEFLWGRFDLGKKQKNPNNYHSKAKHLRSEVVDDFEADFQDFKELSD
DEDVQVDVKPFAFSASKHSTGSKSLKTVDSDKDAAADKSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRK
GVRVWLGTFNTAEEAAKAYDIEARRIRGKKAKVNFPDEAPAPASRHTVKVNPQKVLPEESLYSLQSDS
AIMNSVEDDHYDSFGFFEEKPMTKQYGYENGSSASADTGFGSFVPSAGGDIYFNSDVGSNSFECSDFG
WGEPCSRTPEISSVLSAAIECNEAQFVEDANSQKKLKSCTNNPVADDGNPRYYGT

SEQ ID NO: 195, AY496704.1| mRNA de proteína de ligação de etileno de Lycopersicon esculentum, cds completo

TCATTTCTGTATCAATCAATATTCTTTGTTTCTGCTGTTTTGATGAAATCACACTAAGATGTGTGGTG
GTGCAATTCTTGCTGATATCATTCCTCCTCGTGACCGCCGTTTGTCATCCACCGACCTATGGCCGACT
GATTTCTGGCCAATTTCCACCCAAAATGTTCCTCTCAACCCCAAACGAGCTCGACCCTCTACAGGTGG
TGAGCAGATGAAGAAGAGGCAAAGGAAGAATCTTTACAGAGGGATAAGACAACGTCCATGGGGTAAAT
GGGCTGCTGAAATTCGTGACCCGAGAAAAGGGGTTAGGGTTTGGTTAGGTACTTTCAACACTGCTGAA
GAAGCTGCAAGAGCTTATGATAGAGAAGCTCGTAAAATCAGGGGTAAGAAAGCTAAAGTTAATTTCCC
CAATGAAGATGACGACCATTACTGCTACAGTCATCCAGAGCCCCCTCCCTTGAACATTGCTTGTGATA
CTACTGTTACTTACAATCAAGAATCAAATAACTGTTACCCCTTTTACTCAATCGAGAACGTTGAACCT
GTTATGGAATTTGCAAGTTATAATGGAATTGAAGATGGAGGAGAGGAGATGGTGAAAAATTTGAATAA
CAGGGTTGTAGAGGAAGAGGAGAAAACAGAGGATGAAGTGCAGATACTTTCTGATGAGCTGATGGCTT
ATGAGTCATTGATGAAGTTCTATGAAATACCGTATGTTGACGGGCAATCAGTGGCGGCGACGGTGAAT
CCAGCGGCGGAGACCGCCGTGGGCGGTGGCTCGATGGAGCTTTGGAGTTTTGATGATGTTAGTCGTCT
ACAACCAAGTTATAATGTAGTTTAATTATTGTTTTGTTTAAACTTTTCATAATTTTATTTTATCGAAT
TAGGAAGAATTGAGTTTTTATAATTTAATCAATTGTGTAAAACTATGTTTCTAATTCATTAATATTAT
ATTGGATATGTTGTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 196, AAR87866.1| proteína de ligação de etileno [Lycopersicon esculentum]

MCGGAILADIIPPRDRRLSSTDLWPTDFWPISTQNVPLNPKRARPSTGGEQMKKRQRKNLYRGIRQRP
WGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDREARKIRGKKAKVNFPNEDDDHYCYSHPEPPPLNI
ACDTTVTYNQESNNCYPFYSIENVEPVMEFASYNGIEDGGEEMVKNLNNRVVEEEEKTEDEVQILSDE
LMAYESLMKFYEIPYVDGQSVAATVNPAAETAVGGGSMELWSFDDVSRLQPSYNVV

SEQ ID NO: 197, NM_106706.1| mRNA de fator de ligação / transcrição (AT1G80580) de DNA de Arabidopsis thaliana, cds completo

ATGGAAAACAGCTACACCGTTGATGGTCACCGTCTTCAATATTCCGTTCCGTTAAGCTCCATGCATGA
AACCAGTCAAAACTCCGAAACTTACGGATTATCCAAAGAGTCGCCGTTGGTCTGCATGCCCTTGTTCG
AAACCAACACTACTTCATTCGATATCTCTTCTCTTTTCTCGTTTAACCCAAAACCAGAACCCGAAAAC
ACGCATCGTGTCATGGACGATTCCATCGCCGCCGTCGTGGGCGAAAACGTTCTTTTCGGTGATAAAAA
CAAAGTCTCTGATCACTTGACCAAAGAAGGTGGTGTGAAGCGGGGGCGGAAGATGCCGCAGAAGACCG
GAGGATTCATGGGAGTGAGAAAACGGCCGTGGGGGAGATGGTCGGCGGAGATAAGAGACAGGATAGGG
CGGTGCAGACACTGGTTAGGAACGTTCGACACGGCGGAAGAGGCAGCGCGTGCG

FIGURA 28 (Cont.)

TATGACGCGGCGGCGAGGAGGCTTAGAGGGACCAAAGCCAAGACCAATTTCGTGATTCCTCCGCTTTT
TCCCAAGGAAATAGCTCAGGCTCAGGAGGATAATAGGATGAGGCAGAAGCAGAAGAAGAAGAAGAAGA
AAAAAGTGAGTGTGAGGAAGTGTGTTAAAGTCACATCGGTTGCACAGTTGTTCGATGATGCCAATTTT
ATAAATTCTTCTAGTATTAAAGGAAATGTGATTAGTTCTATTGATAATCTTGAAAAAATGGGTCTAGA
GCTTGATTTGAGTTTAGGGTTGTTGTCTAGGAAGTGA

SEQ ID NO: 198, AT1G80580.1 Arabidopsis fator de transcrição de família AP2-EREBP de Arabidopsis, seqüência de proteína

MENSYTVDGHRLQYSVPLSSMHETSQNSETYGLSKESPLVCMPLFETNTTSFDISSLFSFNPKPEPEN
THRVMDDSIAAVVGENVLFGDKNKVSDHLTKEGGVKRGRKMPQKTGGFMGVRKRPWGRWSAEIRDRIG
RCRHWLGTFDTAEEAARAYDAAARRLRGTKAKTNFVIPPLFPKEIAQAQEDNRMRQKQKKKKKKKVSV
RKCVKVTSVAQLFDDANFINSSSIKGNVISSIDNLEKMGLELDLSLGLLSRK

SEQ ID NO: 199, AY286010.1| Nicotiana tabacum mRNA de fator que expressa calo (CEF1) de Nicotiana tabacum, cds completo

GAATTCGGCACGAGAAAAAAGAAAGAAGTTTACTCCGTCAAAAACGAAACTGATTTCTGCATAAAACT
TTTCTGCTGAGAGAAAACAAAAAGCATGTGTGGTGGTGCTATAATCTCCGATTACATTGCCCCGAGCC
GAACTTCTCGCCGGCTCACCGCCGAGTTGCTATGGGGCCGGTCCGATCTGAGTAATAAGCAAAAAAAT
CCTAACAATTATCACTCCAAGCCGTTGAGATCCCAAGTAGTTGACCTAGACGATGACTTCGAGGCTGA
TTTTCAGGACTTTAAAGATTTCTCCGATGACGAGGATGTTCAAGTCGATGTCAAGCCATTTGCCTTCT
CTGCTTCGAAAAACTCTAATGTTGAAGGCTCCAAATCTGTGAAAACTGATGATTCAGACAAGGATGCT
GATAGATCCTCTAAGAGAAAGAGGAAGAATCAGTATAGGGGGATCAGACAGCGACCTTGGGGTAAGTG
GGCAGCTGAAATACGTGACCCAAGAAAAGGGGTTCGGGTGTGGCTGGGAACTTTCAATACTGCAGAAG
AAGCTGCCAGAGCTTATGATGTTGAGGCTAGGAGGATCAGAGGCAATAAAGCTAAGGTAAACTTTCCC
GATGAAGCTCCAGTGCCTGCCTCGAGACGTACTGTTAAGGTGAATCCTCAAAAGGTCCTTCCTAAGGA
GATCCTGGACTCGGTTCAGCCCGACTCGACTATCATAAACAACATGGAGGATTGCTGTTATGATTCTT
TGGGATTTCTTGAAGAGAAACCCATGACGAAGCAGTTTGGATGTGAGGATGGGAGCAGTGCTTCTGGA
GATACGGGATTTGGCTCATTTGCCCCTTCAGCTGGTACCGATATCTACTTCAACTCTGATGTTGGAAG
TAACTCTTTTGACTGCTCTGATTTTGGTTGGGGAGAGCCATGTGCCAGGACTCCAGAGATATCATCCG
TTCTGTCAGCTGTTATTGAAAGCAATGAATCTCAACTTGTTGAAGATGATACCAGTCCAATGAAAAAA
CTGAAATCAAGCCCCATTAATCCAGTAGCTGATGATGGAAATACCGCAAACAAGCTATCTGAAGAGCT
TTCAGCTTTTGAAACCCAGATGAAGTTCCTTCAGATCCCCTATCTGGAGGGAAATTGGGATGCATCAG
TTGATACTTTCCTCAACTCAAGTGCAACTCAGGATGGTGATAATGCTATGGACTTATGGTCCTTTGAT
GATGTTCCTTCTTTATTGGGAGGTGTCTTTTAAGTCAGCATGCCTTGTCTAGTTTTTGTAAATAAGGC
TTCATGTGAGTGAACTTTGCTATTGTTTTGCCTCAAAGAAAGGCTCTTTATTATGTACAGAAGCTTTT
TGAAATGGTAAATAGTTTAATCTCTGTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 200, AAP40022.1| fator que expressa calo [Nicotiana tabacum]

MCGGAIISDYIAPSRTSRRLTAELLWGRSDLSNKQKNPNNYHSKPLRSQVVDLDDDFEADFQDFKDFS
DDEDVQVDVKPFAFSASKNSNVEGSKSVKTDDSDKDADRSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPR
KGVRVWLGTFNTAEEAARAYDVEARRIRGNKAKVNFPDEAPVPASRRTVKVNPQKVLPKEILDSVQPD
STIINNMEDCCYDSLGFLEEKPMTKQFGCEDGSSASGDTGFGSFAPSAGTDIYFNSDVGSNSFDCSDF
GWGEPCARTPEISSVLSAVIESNESQLVEDDTSPMKKLKSSPINPVADDGNTANKLSEELSAFETQMK
FLQIPYLEGNWDASVDTFLNSSATQDGDNAMDLWSFDDVPSLLGGVF

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 201, AJ606475.1| Fagus sylvatica mRNA para fator de transcrição de etileno (gene erf1)

CAAACACACTGAAGAATTAAGTCATTTGGGAATCAGGTTTCTTGGAAAAACCCCTGCCAAAGCCCCTT
CAAGGCTCTCAGCTTTGAGTCCCCAGATGTGTGGAGGAGCTATAATCTCCGACTTTATAGCGCCAACC
GGGTCGCGGCGGTTGACGGCGGATTATCTCTGGGGCGATCGGAAAAAACCCATTTCAGGAAAGCGATT
CTCGAAGCCTGTAGTCGATTTGGACGACGAATTCGAGCTCGATTTTCAGGGCTTTAAGGACGAGGAGG
AGTCTGATATCGACGAGGAAGAGGTCCTTGTGCAAGATGTCAAGCCCTTCACTTTTTCTGCTCCTCCT
AGCTCTGGATCTAAGCCTGTAAAATCCGTGGAATTCAATGGGCAAGCTGAGAAATCTGCAAAGAGAAA
GAGGAAGAATCAGTATCGGGGGATCCGGCAGCGCCCATGGGGTAAGTGGGCTGCTGAGATTCGAGACC
CAAGGAAAGGGGTCCGTGTCTGGCTTGGAACTTTTAACACTGCAGAAAAAGCTGCAAGAGCTTATGAT
GCAGAGGCACGGAGAATTCGTGGCAAGAAGGCTAAGGTGAATTTTCCCGATGAGACTCCCCGTGCTTC
TCCAAAGCGTTCAGTTAAGGCAAATCTGCAGAAGCCACTTGCCAAGGCAAACCTGAACTCTGTCCAGC
CCAACCTGAACCAAAATTTCAATTTTATGAACAACTCTGATCAGGACTATACCATGGGTTTGATGGAA
GAGAAACCTTTCACAAACCAGTATGGGTATATGGATTCCATCCCTGCCAATGCAGATGTTGGACTAAA
ACCCTTTGCTTCCAATAATACTACCCCGTACTTTAACTCAGATCAGGGGAGTAACTCGTTTGATTGTT
CTGACTATGGATGGGGAGAACAGGGCTCTAAGACTCCAGAAATCTCATCTGTTCTTTCAGCTACTTTA
GAAGGGGATGAATCTCAGTTTGTGGAGGATGCTATGCCCACGAAGAAATTGAAGTCAGACTCTGGGAA
TGCAGTGTTCATTGAAAATAACACTGCAAAGACACTGTCAGAGGAGCTCTCAGCTTTTGAGTCCCAGA
TGAACTTTCAGATGCCATTTCTTGAGGGAAGCTGGGAATCCAACATGGAGGCACTGTTCAGTGGGGAC
ACAACTCAGGATGGTAACTCGATGGATCTTTGGAGCTTCGATGACCTCCCCGTTATGGCTGGGGGAGT
TCTGTGACCGCAAAACTATTTTCCGCATGCTTGCTGTTCTAGTTTATGTATAAATAAGGCTAAATACA
TGTTAGAATGGTTTGTCATTCTGTGGAGATGGACATGCCTGTGGTTTCAAACAAGCTGAACACTGAAT
GCTTAAGACTCTATGAAGGGATGTACTGAAGTAGTGTTGTTCTACTGTTGTATGAGGGAGTACATAGG
TCCCTATTTAGGATCCCTTTGAGAGACTACCTTGAAGACATTGAATTTTGGGATTTTGAATTTGATGT
TTTTGTATTGATGATTATGTGTGATGAAACCTCTGTCATAAAAATACTAAACTAAAAACCTGATGTAT
GTCAACTGTGTTTAGTGTTTGTTTCAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 202, CAE54591.1| fator de transcrição de etileno [Fagus sylvatica]

MCGGAIISDFIAPTGSRRLTADYLWGDRKKPISGKRFSKPVVDLDDEFELDFQGFKDEEESDIDEEEV
LVQDVKPFTFSAPPSSGSKPVKSVEFNGQAEKSAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWL
GTFNTAEKAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDETPRASPKRSVKANLQKPLAKANLNSVQPNLNQNFNF
MNNSDQDYTMGLMEEKPFTNQYGYMDSIPANADVGLKPFASNNTTPYFNSDQGSNSFDCSDYGWGEQG
SKTPEISSVLSATLEGDESQFVEDAMPTKKLKSDSGNAVFIENNTAKTLSEELSAFESQMNFQMPFLE
GSWESNMEALFSGDTTQDGNSMDLWSFDDLPVMAGGVL

SEQ ID NO: 73, AJ420195.1| Fagus sylvatica mRNA parcial para proteína de ligação de elemento responsivo a etileno (gene erebp1)

CAACAATATTTTCTCTCACAAAAACTAAACTCTCTGTATTTCCCAAACTTTCCAAAAAAACCATTTTA
CTTTTCACCCATCCGAGCAAAAAAAACAAAGAGAAAAAAGAAACCCCTCCAAAAAAGCCAAGACCGCC
ATGTGTGGAGGAGCTATAATCTCCGACTTTATAGCGCCAACCGGGTCGCGGCGGTTGACGGCGGATTA
TCTCTGGGGCGATCGGAAAAAACCCATTTCAGGAAAGCGATTCTCGAAGCCTGTAGTCGATTTGGACG
ACGAATTCGAGCTCGATTTTCAGGGCTTCAAGGACGAGGAGGAGTCTGATATCGACGA

FIGURA 28 (Cont.)

GGAAGAGGTCCTTGTGCAAGATGTCAAGCCCTTCACTTTTTCTGCTCCTCCTAGCTCTGGATCTAAGC
CTGTAAAATCCGTGGAATTCAATGGGCAAGCTGAGAAATCTGCAAAGAGAAAGAGGAAGAATCAGTAT
CGGGGGATCCGGCAGCGCCCATGGGGTAAGTGGGCTGCTGAGATTCGAGACCCAAGGAAAGGGGTCCG
TGTCTGGCTCGGAACTTTTAACACTGCAGAAGAAGCTGCAAGAGCTTATGATGCAGAAGCACGGAGAA
TTCGTGGCAAGAAAAGCAAAGGGAATTTTCCGATGAGACTTCCCGTGCCAAAGCGTTCAGTTAAGGCA
AATCTGCAGAAGCCACTTGCCAAGGCAAACCTGAACTCTGTCCAGCCCAACCTGAACCAAAATTTCAA
TTTTATGAACTCTGATCAGGACTATACCATGGGTTTGATGGAAGAGAAACCTTTCACGAACCAGTATG
GGTATATGGATTCCATCCCTGTCAATGCAGATGTTGGACTAAAATCCTTTGCTTCCAATAATACTGCC
CCATACTTTAACTCAGATCAGGGGAGTAACTCGTTTGATTGTTCTGACTATGGATGGGGAGAACAGGG
CTCTAAGACTCCAGAAATCTCATCTGTTCTTTCAGCCACTTTAGAAGGGGATGAATCTCAGTTTGTGG
AGGATGCTGTGCCCACGAAGAAATTGAAGTCAGACTCTGGGAATGCAGTGTTCATTGAAAATAACACT
GCAAAGACACTGTCAGAGGAGCTCTCAGCTTTTGAGTCCCAGATGAACTTTCAGATGCCATTTCTTGA
GGGAAGCTGGGAATCCAACATGGAGGCACTGTTCAGTGGGGACACAACTCAGGATGGTAACTCGATGG
ATCTTTGGAGCTTCGATGACCTCCCCGTTATGGCTGGGGGAGTTCTGTGAGCAAACTATTCCCATGCT
TGCTAGTTTATGTAAATAAGGCTACATGTTAGAATGGTTTGTCATCTGTGATGGACATGCCGTTTCAA
ACAAGCTGTGAACATGCTTAAGACTCTTATGAAGGATGTACTGAAGTAGTCTACTGTTGTATGAGGAG
TACATAGGTATTTAGGATCCCTTTCTCCCTTGAAGACATTGAATTTGGGATTTTGAATTTGATCTTTG
TATTGATGATTATGTGTGATCTGTCATAAAAATACTAAAAACCTGATGTATGTCAACTTTAGTGTTTG
TTTCTATCTTGGTTCTTTTACAAAAAGGGCCTTCAATTTTTGTACTGTTTATTTGTTTTTATTGGTTT
TTGATTTTACCTAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 204, CAD21849.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno [Fagus sylvatica]

MCGGAIISDFIAPTGSRRLTADYLWGDRKKPISGKRFSKPVVDLDDEFELDFQGFKDEEESDIDEEEV
LVQDVKPFTFSAPPSSGSKPVKSVEFNGQAEKSAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWL
GTFNTAEEAARAYDAEARRIRGKKSKGNFPMRLPVPKRSVKANLQKPLAKANLNSVQPNLNQNFNFMN
SDQDYTMGLMEEKPFTNQYGYMDSIPVNADVGLKSFASNNTAPYFNSDQGSNSFDCSDYGWGEQGSKT
PEISSVLSATLEGDESQFVEDAVPTKKLKSDSGNAVFIENNTAKTLSEELSAFESQMNFQMPFLEGSW
ESNMEALFSGDTTQDGNSMDLWSFDDLPVMAGGVL

SEQ ID NO: 205, DQ412079.1| mRNA de proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno (JERF1), cds completo

ACGCGGGGAAATTAAACTTTCTCCATTGAAATTCACTGCGAAAAAAAAACCCTTTCCCAGTTATAATA
CACTACTTAAATTATTAGAGAAAAGAAAAAGCTATGTGTGGTGGTGCAATTATCTCCGATTTGGTACC
TCCTAGCCGGATTTCCCGCCGGCTAACCGCCGAGTTGCTATGGGGTAACTCTGATCTGAGCAAAAAGA
AGAAAAATCCAGGGAATTATTACTCAAAGCCTTTGAACAGGTCTAAGTTTATTGACCTTGATGAGGAA
TTTGAAGCTGACTTTCAGGACTTCAAGGACTATGCCGATGACGATGTTGATGATGTTAAGCCCTTCGG
TTCCAAATCTGTGAAATCTGGCGATTCAAGCTGCGATACTGAAAAATCTTCCAAGAGAAAGAGGAAGA
ATCAGTACCGGGGGATCAGACAGCGTCCTTGGGGTAAGTGGGCAGCTGAAATTCGTGATCCGAGGAAA
GGGATTCGAGTTTGGCTTGGAACTTTCAATTCTGCGGAAGAAGCAGCTAGAGCTTATGATGTTGAGGC
ACGAAGGATCAGAGGCAAGAAGGCTAAGGTGAACTTTCCTGATGGATCTCCAGCTTCTGCTTCAAGAC
GTGCTGTTAAGCCAAATCCTCAGGAGGCACTTCGCGAGGAAATCTTGAACACAGTTCAGCCGAACACA
ACTTATATCAACAACTTGGACGGCGGATCTGATGATTCGTTTGGCTTTTTCGAAGAGAAACCAGCAGC
AAAGCAGTATGGCTATGAGAATGTTTCTTTTACTGCTGGAGATA

FIGURA 28 (Cont.)

TGGGACTGGGTTCAATTTCCCCTTCAACTGGTACAACAAATGTTTACTTCAGTTCTGATGAAGGAAGC
AACACCTTTGACTGCTCTGATTTCGGTTGGGGTGAACCATGTCCGAGGACTCCAGAGATCTCATCTGT
TCTGTCAGAAGTTCTAGAATGTAATGGTACTCAATCTGATGAAGATGCTAGACCAGAGAAAAAACTGA
AGTCGTGTTCCAACGCTTCCTTGCCAGATGAGGATAACACTGTGCACACGCTATCTGAAGAGCTATCG
GCTTTTGAATCCCAGATGAAGTTCTTGCAGATCCCATATCTTGAGGGAAATTGGGATGCATCAGTTGA
TGCCTTTGTCAACACAGGCGCAATTCAGGATGGCGGAAATGCGATGGATCTCTGGACCTTCGATGATG
TTCCTTCTTTAATGGGAGGTGTCTACTAAGCCAACACGCACCTTCCCTTACTAAGTTTTGTAAATAAA
GCTTCATTTGAGTGAAGTTTGCAGTTATGTTGTCTCCAAACAAAAAAGACTATATATGTGTTGTATTA
AATTTATTTCATAAATTTACTTGTTTGATACAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 206, ABD65407.1| proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno [Capsicum annum]

MCGGAIISDLVPPSRISRRLTAELLWGNSDLSKKKKNPGNYYSKPLNRSKFIDLDEEFEADFQDFKDY
ADDDVDDVKPFGSKSVKSGDSSCDTEKSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGIRVWLGTFNS
AEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPDGSPASASRRAVKPNPQEALREEILNTVQPNTTYINNLDGGSD
DSFGFFEEKPAAKQYGYENVSFTAGDMGLGSISPSTGTTNVYFSSDEGSNTFDCSDFGWGEPCPRTPE
ISSVLSEVLECNGTQSDEDARPEKKLKSCSNASLPDEDNTVHTLSEELSAFESQMKFLQIPYLEGNWD
ASVDAFVNTGAIQDGGNAMDLWTFDDVPSLMGGVY

SEQ ID NO: 207, AY246274.1| Capsicum annuum PF1 mRNA, cds completo

AGTTATAATACACTACTTAAATTATTAGAGAAAAGAAAAAGCTATGTGTGGTGGTGCAATTATCTCCG
ATTTGGTACCTCCTAGCCGGATTTCCCGCCGGCTAACCGCCGAGTTGCTATGGGGTAACTCTGATCTG
AGCAAAAAGAAGAAAAATCCAGGGAATTATTACTCAAAGCCTTTGAACAGGTCTAAGTTTATTGACCT
TGATGAGGAATTTGAAGCTGACTTTCAGGACTTCAAGGACTATGCCGATGACGATGTTGATGATGTTA
AGCCCTTCGGTTCCAAATCTGTGAAATCTGGCGATTCAAGCTGCGATACTGAAAAATCTTCCAAGAGA
AAGAGGAAGAATCAGTACCGGGGGATCAGACAGCGTCCTTGGGGTAAGTGGGCAGCTGAAATTCGTGA
TCCGAGGAAAGGGATTCGAGTTTGGCTTGGAACTTTCAATTCTGCGGAAGAAGCAGCTAGAGCTTATG
ATGTTGAGGCACGAAGGATCAGAGGCAAGAAGGCTAAGGTGAACTTTCCTGATGGATCTCCAGCTTCT
GCTTCAAGACGTGCTGTTAAGCCAAATCCTCAGGAGGCACTTCGCGAGGAAATCTTGAACACAGTTCA
GCCGAACACAACTTATATCAACAACTTGGACGGCGGATCTGATGATTCGTTTGGCTTTTTCGAAGAGA
AACCAGCAGCAAAGCAGTATGGCTATGAGAATGTTTCTTTTACTGCTGGAGATATGGGACTGGGTTCA
ATTTCCCCTTCAACTGGTACAACAAATGTTTACTTCAGTTCTGATGAAGGAAGCAACACCTTTGACTG
CTCTGATTTCGGTTGGGGTGAACCATGTCCGAGGACTCCAGAGATCTCATCTGTTCTGTCAGAAGTTC
TAGAATGTAATGGTACTCAATCTGATGAAGATGCTAGACCAGAGAAAAAACTGAAGTCGTGTTCCAAC
GCTTCCTTGCCAGATGAGGATAACACTGTGCACACGCTATCTGAAGAGCTATCGGCTTTTGAATCCCA
GATGAAGTTCTTGCAGATCCCATATCTTGAGGGAAATTGGGATGCATCAGTTGATGCCTTTGTCAACA
CAGGCGCAATTCAGGATGGCGGAAATGCGATGGATCTCTGGCCTTCGATGATGTTCCTTCTTTAATGG
GAGGTGTCTATAAGCCAACACGCACCTTCCCTTATTAAGTTTTGTAAATAAAGCTTCATTTGAGTGAA
GTTTGCAGTTATGTTGTCTCCAAACAAAAAAGACTATATATGTGTTGTATTAAATTTATTTCATAAAT
TTACTTGTTTGATGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 208, AAP72289.1| PF1; CaPF1 [Capsicum annuum]

MCGGAIISDLVPPSRISRRLTAELLWGNSDLSKKKKNPGNYYSKPLNRSKFIDLDEEFEADFQDFKDY
ADDDVDDVKPFGSKSVKSGDSSCDTEKSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGIRVWLGTFNS
AEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPDGSPASASRRAVKPNPQEALREEILNTVQPNTTYINNLDGGSD
DSFGFFEEKPAAKQYGYENVSFTAGDMGLGSISPSTGTTNVYFSSDEGSNTFDCSDFGWGEPCPRTPE
ISSVLSEVLECNGTQSDEDARPEKKLKSCSNASLPDEDNTVHTLSEELSAFESQMKFLQIPYLEGNWD
ASVDAFVNTGAIQDGGNAMDLWPSMMFLL

SEQ ID NO: 209, AY529642.1| mRNA de proteína tipo fator responsivo a etileno 1 (ERFLP1) de Capsicum annuum, cds completo

ATTCTCAAAAATAATTTTTCATTTCTGATTCAATCTTGTTGTTTCTTTCATTTTGAAAAAAAAAAGAA
GAAGAAGAAGAGTACTTTAACTACACTGCAAAATGTGTGGTGGAGCAATTCTTGCTGATATCATTCCT
CGTCGTGACCGTCGTCTGTCATCCACAGACTTATGGTCAATTTGTTCTGATGATTTCTGGCCAAATTC
TTCATTTTCCAAGCCATTTTCCACCCAAAATGTTTCCCCTGCAAAGCCCAAACGAACTCAACCCTCTG
CAGGTAATGAGCAAATCCAGAAAGCCAAGAAAAGGCAAAGGAAGAATCTATACAGGGGAATCCGCCAG
CGTCCATGGGGTAAATGGGCAGCTGAAATTCGTGACCCAAGAAAAGGGGTCAGAGTCTGGTTAGGTAC
TTTCAACACTGCTGAAGAAGCTGCTAGAGCTTATGACAAAGAAGCTCGTAAAATCCGGGGAGAGAAAG
CTAAAGTTAATTTCCCAAATGAAGATGATCACTACAGTTATCCAGAGCCTCCTCCTCTCGCTGCTTAC
AATAATACTACTTTTTATAATAATTGCTATGCGTTCGAGAACAATGAACCCGTTATCGAATATGCAAT
AGCTAACAACAATGATCAAAATGGGCTGATTAAAGAGGTGGAAAATATGAATGGAAGGGTCGTGGAGG
AGGAGGAAAAAACAGAGATTCAAGTGCAGAAACTCTCTGAGGAACTGATGGCTTATGAGTCATTGATG
AAGTTTTATGAGATCCCTTATGTTGATGGGCAATCAGTGGCGGCGATGGCGAATCCAGCGGCGGAGGC
TGTCTTGGGTGGTGGCTTGATGGAGCTTTGGAGTTTTGATGATGTTAGTCGTCAACAACCTAGTTATA
ATGTAGTTTGATTATTGTTTGTTTACATTGTTGTATGTTTTTATTTTTCGGTTTAGGAGAATGGGTTT
CCTTGTAATTCTCAATGTTTAAGCAATTGGTAAAACTATTGTCTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 210, AAS20427.1| proteína tipo fator responsivo a etileno 1 [Capsicum annuum]

MCGGAILADIIPRRDRRLSSTDLWSICSDDFWPNSSFSKPFSTQNVSPAKPKRTQPSAGNEQIQKAKK
RQRKNLYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDKEARKIRGEKAKVNFPNEDDH
YSYPEPPPLAAYNNTTFYNNCYAFENNEPVIEYAIANNNDQNGLIKEVENMNGRVVEEEEKTEIQVQK
LSEELMAYESLMKFYEIPYVDGQSVAAMANPAAEAVLGGGLMELWSFDDVSRQQPSYNVV

SEQ ID NO: 211, AY781117.2| mRNA de proteína de ligação de elemento responsivo a etileno ERF2 de Gossypium hirsutum, cds completo

AAAAAACCAACCCATTTATTTCACTACCCAACAACCCAAAAGATAAAAGGAATCGTTTACTTGTTCGT
AGCAATTTATCGTCATTTCAAGCTCAATTCTCTGAAAATTTTTGTGCTGAACTTCTTTTTTCTCTTTG
TACCACCATGTGTGGAGGTGCTATTATCTCCGATTTCATACCGCCGTCGCGGTCGCGACGATTGACGG
CCGATTTCTTGTGGCCCGATCTGAAAAAATCCGGGTTGAAGAAGGGGTCGGGTAAGAGATACTCGAAG
CCCGTGATCGACTTGGGCGATGATTTCGAGACTGACTTTCAGGAGTTCAAAGATGAAGAATCTGATAT
AGATGATTATGATGTTGATGATGTTTTGGCTGATGTAAAGCCCTTTGCTTTTAACGCTACAAAGAAAC
CTGCTTCTGCTGTCTCTCATGGTTCGAACTCTGAAAAATCCATGCAATTCAATG

FIGURA 28 (Cont.)

GTCAAGCTGAGAAATGTGCGAAAAGAAAGAGGAAGAACCAGTATCGTGGAATCCGGCAGCGCCCATGG
GGTAAATGGGCTGCTGAGATCCGTGACCCAAGGAAAGGGGTTAGGGTCTGGTTAGGAACTTTCAATAC
TGCTGAAGAAGCTGCGAGAGCTTATGATGCTGAGGCACGGAGAATTCGTGGTAAGAAAGCTAAGGTGA
ACTTCCCTAACGAGACTCCGCGTACCTCTCCAAAGCATGCAGTCAAGACAAATTCTCAGAAACCACTT
TCCAAGTCAAATTCGAGCCCTGTTCAGCCAAATCTCAACCAGAATTACAATTACTTGAACCAGCCTGA
GCAGGAATACTTTGATACCATGGGTTTCGTAGAAGAGAAGCCATCGGTCAATCAGTTCGCATACGTGG
ACCCTGTTCCTACGTCTATAGATGCTGGATTTAATCAATCAGATAATGCCCCCTTGTACTTCAATTCA
GACCAGGGAAGTAACTCGATCAATTGTTCCGACTATGGCTGGGGAGAACAGGGTGCCAAAACTCCTGA
AATATCATCCATTCTGGAAGCTTCTGTAGAGGGTGATGAGTTTCTTGAGGATGCTAACCCTAGCAAGA
AGCTGAAACCAAGTTCCGACAATGTTATGCCTGCCGAAGACAACTCCGCGAAGACCTTGTCGGACGAG
CTGTTGGCTTTGGACAACCAGATGAAATACTTCCAAATGCCGCCATTTATTGAAGGAAACTGGGACGC
CACTATTGATGCTTTCCTCAATGGAGATGCAACACAGGATGGTGGAAACCCGATGGATCTTTGGAACT
TTGATGATTTCCCTACCATGGCGGAGGGTGTTTTCTGAGCGAACTTTCCATAATAACTAGTGTTTGTA
AATAAAGCAACATGAATTTGGTCAAAATCTGTTGTGAAGTTGAAGTAAAAACCAAGCTATATGCATGC
TTAAGCCTTGCCTGCACTGCTTTCAGAGGTTTTTAGTATGTACCCCTTTTTTATGTGTTTTTTTGTAG
ACTTTGGACTAAATTTTAAATTTGAGTGACTGTATAAGTAACTGTGTCTGAATTTGTCTATGTTTGAA
TACTGAAAAACATATGAATGTTTTAAACCCAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 212, AAX07458.2| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno ERF2 [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFIPPSRSRRLTADFLWPDLKKSGLKKGSGKRYSKPVIDLGDDFETDFQEFKDEESDIDD
YDVDDVLADVKPFAFNATKKPASAVSHGSNSEKSMQFNGQAEKCAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEI
RDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPNETPRTSPKHAVKTNSQKPLSKSNSSP
VQPNLNQNYNYLNQPEQEYFDTMGFVEEKPSVNQFAYVDPVPTSIDAGFNQSDNAPLYFNSDQGSNSI
NCSDYGWGEQGAKTPEISSILEASVEGDEFLEDANPSKKLKPSSDNVMPAEDNSAKTLSDELLALDNQ
MKYFQMPPFIEGNWDATIDAFLNGDATQDGGNPMDLWNFDDFPTMAEGVF

SEQ ID NO: 213, AY572463.1| mRNA de fator de resposta a etileno 1 de Gossypium barbadense, cds completo

TTGAGAATCGATGCCCGGATTAATAATTTCTGGGATGTAGTCACTAAAAAGGCCTTTCTCATGATTTT
CTTGCAGTTAAAGGTCTTAAATTATATTTCCTTGTGACAGTTATGTTGTGATTTGTAGTTTTTCATGG
ATGAGTAATGTTTATTTATGGTTCATGTATCCGTACGATATTAAATTTTTCTTTTTGTGCTCTATCAT
TGAAGGTTCGAACTCTGAAAAGTCCATGCAGTTCGATGGTCAAGCTGAGAAATGTGCGAAAAGAAAGA
GGAAGAACCAGTATCGTGGAATCCGGCAGCGCCCATGGGGTAAATGGGCTGCTGAGATCCGTGACCCA
AGGAAAGGGGTTAGGGTCTGGTTAGGAACTTTCAATACTGCTGAAGAAGCTGCGAGAGCTTATGATGC
TGAGGCACGGAGAATTCGTGGTAAGAAAGCTAAGGTGAACTTCCCTAACGAGACTCCGCGTACCTCTC
CAAAGCATGCAGTCAAGACAAATTCTCAGAAACCACTTTCCAAGTCGAATTTGAGCCCTGTTCAGCTA
AATCTCGACCAGAATTACAATTACTTGAGCCAGCCTGAGCAGGAATACTTCGATACCATGGGTTTCGT
AGAAGAGAAGCCACTGGTCAATCAGTTTGCATATGTGGACCCTGTTCCTACGTCTATAGATGCTGGAT
CTAATCAATCAGATAATGCCCCCTTGTACTTCAATTCGGACCAGGGAAGTAACTCCATCAATTGTTCC
GACTATGGCTGGGGAGAACAGGGTGCCAGAACTCCTGAAATATCATCCATTCTTGAAGCTTCTGTAGT
GGGTGAAGAGTTTCTTGAGGATGCTAACCCTAGCAAGAAGCTGAAACCAAGTTCTGACAATGTTATGC
CTGCCGAAGACAACTCCGCGAAGACCTTGTCGGACGAGCTGTTGGCTTTGGACAACCAGATGAAATAC
TTCCAAATGCCGCCATTTATTGAAGGAAACTGGGACGC

FIGURA 28 (Cont.)

CACTATTGATGCTTTCCTCAATGGAGATGCAACACAGGATGGTGGAAACCCGATGGATCTTTGGAACT
TTGATGATTTCCCTACCATGGCGGAGGGTGTTTTCTGAGCGAACTTTCCATAATAACTAGTGTTTGTA
AATAAAGCAACATGAATTTGGTCAAAATCTGTTGTGAAGTTGAAGTAAAAACCAAGCTATATGCATGC
TTAAGCCTTGCCTGCACTGCTTTCAGAGGTTTTTAGTATGTACCCCTTTTTTATGTGTTTTTTTGTAG
ACTTTGGACTAAATTTTAAATTTGAGTGACTGTATAAGTAATTGTGTCTGAATTTGTTTATGTTTGAA
TACTGAAAAACATATGAATGTTTTAAACTCTGCTATTTGTTTCTCCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAA

SEQ ID NO: 214, AAT77192.1| fator de resposta a etileno 1 [Gossypium barbadense]

MSNVYLWFMYPYDIKFFFLCSIIEGSNSEKSMQFDGQAEKCAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDP
RKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPNETPRTSPKHAVKTNSQKPLSKSNLSPVQL
NLDQNYNYLSQPEQEYFDTMGFVEEKPLVNQFAYVDPVPTSIDAGSNQSDNAPLYFNSDQGSNSINCS
DYGWGEQGARTPEISSILEASVVGEEFLEDANPSKKLKPSSDNVMPAEDNSAKTLSDELLALDNQMKY
FQMPPFIEGNWDATIDAFLNGDATQDGGNPMDLWNFDDFPTMAEGVF

SEQ ID NO: 215, AY817134.1| mRNA de proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno de Gossypium hirsutum, cds completo

CGGCACGAGGAGAGAGAGAGAACTAGTCTCGTGCCGGGAAAATTTACAATTAAAAAAATTAATTTTGC
CCTCTAAATTTCTCTAAAAAATCTCCTAAATCCCATACTTTAAATCCAATTCGCCATGTGTGGAGGTG
CGATTATCTCCGATTTCATTCCGCCTGCGCGGTCGCGACTGGTGACGGCGAATTATTTGTGGCCGGAT
CTGAAAAAATCCGGCTCTAAAAAGCGGTCGGGTAGAAAGCACTCGAAGAAGCCGGCGGTCGGCTTTGA
AGATGACTTCGAGGCTGATTTTCAGGTGTTTAAGGATGAGGATTCTGATGTCGATGACTTCAACGATG
ATGTTGATGATGTTTTGGCTGATGTTAAGTCCTTTGCTTTTTCTGCTACAAAGAAACCCTCTCCTGCT
GTTTCTCATGGTTCAAACTCCATAAAATCTGTGGAATTCAGTGGTCAAGCTGAGAAATCTGCAAAAAG
AAAGAGGAAGAACCAGTATCGCGGAATTCGCCAGCGTCCGTGGGGTAAATGGGCTGCTGAGATCCGTG
ATCCTAGGAAAGGGGTTAGGGTGTGGCTTGGAACTTTTAATACTGCTGAGGAAGCTGCACGAGCTTAT
GATGCTGAGGCACTGAGAATTCGGGGTAAGAAAGCAAAGGTGAACTTCCCTGATGAGACTCCACGTAC
CACTCCAAAGCATGCTGTTAAAATGAATTCTCAGAAACCTCTTTCCGGGTCAAATTTGAGTTCTGTTC
AATCAAGTCTCAACCCAGATTTCAGTTACTCGAACAAACTTGAGCAGGGCTACTATGATACCGTGGGT
TTCATTGAAGAGAAGTCACTAATGGATCAGTTTGCATATGCAGACCCTGTTAGAGCTGCTGTAGATGA
TGGGTTAAAACCCTTTGCTGACCCTGAGAATACCGCTTCGTTTTTTATCTCAGATCCAGGGAGTAACA
ACTTTGACAGTTCCGACCTTGTCTGGGGCGACCAGGGTGCCAAGACTCCTGAAATATCATCCTCTCTT
GAACCTACTCTAGAGGTCAACGAGTTTCTGGACAACGCAAACCCTACGAAGAAGTTGAAACTGAGCTT
GAATAATGTCATGCCTACTGGAGGAGACAATTCGGTAAAGAGTTTATCCGATGAGCTATTAGCTATGG
ACAATCAAGTGAACTACTTTCAGACACCATTTATTGACGAGAACTGGAATGTTTCGATGGATGACTTC
CTTAATGGAGATGCAACTCAGGTTGGCGGAAACGAAATGGGTTTTTGGAGCTTTGATGACTTTCCTTC
CATAGATGGGGGTATTTTCTGAACAAACTCTCCTTACTTATTATCCGTTTCCGTACATAAGGCATCGT
GTTAGCGAGTTTCGACCCTCTGGCAACTGCTTGACTATTGTTTCTATCTTGATATCTCTAACACCGAA
AAATTCAAATTTAAATTTCGAGTGACTGTTAGAACTTACAACATTGATTATGTGTGATTTATGATGAA
AATTTGAAACTCCTATGAATGTTTAACCAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 216, AAX20013.1| proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFIPPARSRLVTANYLWPDLKKSGSKKRSGRKHSKKPAVGFEDDFEADFQVFKDEDSDVD
DFNDDVDDVLADVKSFAFSATKKPSPAVSHGSNSIKSVEFSGQAEKSAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWA
AEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDAEALRIRGKKAKVNFPDETPRTTPKHAVKMNSQKPLSGSN
LSSVQSSLNPDFSYSNKLEQGYYDTVGFIEEKSLMDQFAYADPVRAAVDDGLKPFADPENTASFFISD
PGSNNFDSSDLVWGDQGAKTPEISSSLEPTLEVNEFLDNANPTKKLKLSLNNVMPTGGDNSVKSLSDE
LLAMDNQVNYFQTPFIDENWNVSMDDFLNGDATQVGGNEMGFWSFDDFPSIDGGIF

SEQ ID NO: 217, AY962572.1| Gossypium hirsutum cultivar Xinhai14 mRNA de proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno 3, cds completo

ATGTGTGGAGGTGCAATTATTTCCGATTTCGTCGCCGTGAAACATGACCCGAAATTGACCGGCGATGA
CCTTTGGTCTGAAATTGACATATTCTCCGACCTCCTAGGTTTCGACAACAATGGCAAAAGCTTTGTCA
ATCATCAGTTTCATAACAACAACAAGAAGCTGATCAATCCAAAAGACAATCAACTTAACAAAGAGAGA
AGCGAGACGATTCAGAAGACAAGCCGAGTCACTAAAAATGTTGAAAAGACTCAGCGAACTCGGAAAAA
CTTTTACCGAGGAATAAGACAAAGGCCATGGGGCAAATGGGCAGCTGAGATTAGAGACCCTCAAAAAG
GCGTCCGAGTTTGGCTCGGTACCCATAACACAGCCGAAGAAGCGGCTCGAGCCTACGATGAAGCCGCC
AAGCGTATCCGTGGTGATAAAGCCAAGCTCAACTTCCCTCAAACGCCCACCAAAAATCAAGCAGCTTC
ACCAGCTCTTACTCAGCTTCCTCCTGCTAAGAAAAGGTGCATCGTTCCCGAGTTAACTCAACCGAGCT
TCCAGACTGACTCACCACCTTATCCTATGGGTCTTGGGTCTGGAAGAAGTGAAGATTATAAGCCGATT
GAAGTGGTGGAGAGTGAGTTGGAGTTGAAAGAACAAATCTGGAGCCTGGAATCATTTCTGGGTTTGGA
GACTAATCATGAGACTATGACTCAACTGAGTGGTAACGGAGGGACTGACTCACTGGAGCTTTGGACAC
TTGATGACCTCGTAACTCAGTATAAGCAACGGCGCTAACATGTTCATCAGTGGGGGCGAAAATTAAAT
AATAGTTAGCGTTAATAAATGTTTTTTGTGTTAATTAGGGTTTTTTTATTTATACTATCATGCATTAT
ATATATATATAGATGAGAATAAAGGATTAACGCTNTGCTCTTGCATGGATTAGTTAGCGTTAATCAAT
GTTAGTGTGTAATTAGGGTTTTTATTATGTTAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 218, AAX68526.1| proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno 3 [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFVAVKHDPKLTGDDLWSEIDIFSDLLGFDNNGKSFVNHQFHNNNKKLINPKDNQLNKER
SETIQKTSRVTKNVEKTQRTRKNFYRGIRQRPWGKWAAEIRDPQKGVRVWLGTHNTAEEAARAYDEAA
KRIRGDKAKLNFPQTPTKNQAASPALTQLPPAKKRCIVPELTQPSFQTDSPPYPMGLGSGRSEDYKPI
EVVESELELKEQIWSLESFLGLETNHETMTQLSGNGGTDSLELWTLDDLVTQYKQRR

SEQ ID NO: 219, AY962571.1| Gossypium hirsutum cultivar Xinhai14 mRNA de proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno 2, cds completo

ATGTGTGGAGGTGCAATTATTTCCGATTTCATTGCCGTGAAACGCGGTCGGAAGTTAACCGCCGAGGA
TCTTTGGTCTGAACTTGACACATTCTCCGACCTGTTGGGTCTGGATTACGGAAATGGAAAAGAGTCTT
CTTTCACTCAGTCCGACAACACCAAGGCCGGTTCCAAAGCCAAGAACCTTGAAAAAGTGGCAAACGAG
ACGACTCAGAAGACAAGCCGAGGGAGAGAGAAAGAAGGGAAGACTCAGCGAACTCGAAAG

FIGURA 28 (Cont.)

AACATTTACAGAGGAATCAGGCAAAGGCCATGGGGGAAATGGGCGGCTGAGATAAGAGATCCTCACAA
AGGTGTCCGAGTCTGGCTCGGTACATACAACACGGCTGAAGAAGCGGCTCGAGCCTACGATGAAGCCG
CCAAGCGCATCCGTGGGGAGAAAGCCAAGCTCAACTTCCCTCAAACTCCACACCTAACTCAGCCTCCT
GCTAAGAAAAGGTGTATGATGGCTCCTGAGTTGACTCCGCCGAGTTCTGAAACAAAGAGCCCACCAAC
CCCACAACTTTTTATGGGTTTTGGTTACGAGAATGGAGTTTACAGACCGAGTGAAGCAATGGAAAGCG
AGATGGAGCTGAAGGAGCAAATCTCGAGCCTGGAGTCGTTCCTGGGTTTGGAGCCTGATGAGACAACA
ACTGAGTTGAGTGGAAGTGCTGAGCCTGACTCAGTGGACCTTTGGATGCTTGATGACCTTGTGACACA
TCATCAACAACAGCCTCAGCTCTTTTATTAGAAATTAAAAAGTTTTAATTAGGGTAATGTTATGTTTG
ATATGATTATGCTTAAGACTTTAATGTTTGTATTAATGAAGGGTAAATAGTTGTGACAATAAAAAGAT
TGGCCACCCAGTTTTAATTTATATTTATTTCTAATTTGGGTGACATGTAAATTGGTTTCGAGAAACAT
TGAAGTACCCATAATGTTAGTTCATGTATCAGATATAGTAAACACTTTGGATTAATAAAAAAACCTCC
TAATATTTTATTTGTAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 220, AAX68525.1| proteína putativa de ligação de elemento responsivo a etileno 2 [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFIAVKRGRKLTAEDLWSELDTFSDLLGLDYGNGKESSFTQSDNTKAGSKAKNLEKVANE
TTQKTSRGREKEGKTQRTRKNIYRGIRQRPWGKWAAEIRDPHKGVRVWLGTYNTAEEAARAYDEAAKR
IRGEKAKLNFPQTPHLTQPPAKKRCMMAPELTPPSSETKSPPTPQLFMGFGYENGVYRPSEAMESEME
LKEQISSLESFLGLEPDETTTELSGSAEPDSVDLWMLDDLVTHHQQQPQLFY

SEQ ID NO: 221, AY572462.1| mRNA de fator de resposta a etileno 2 de Gossypium barbadense, cds completo

CCATCTGAAAAAAAAACAGGTTTTCTTTTAAGATAACACCCAAAAATGTGTGGAGGTGCAATTATTTC
CGATTTCGTCGCCCCCAAATATGACCGGAAATTGACCGGCGATGACCTTTGGTCTGAACTTGACATAT
TCTCCGACCTCCTAGGTTTCGACAACAATGGCAAAAGCTTTGTCAATCATCAGTTTCATAACAACAAC
AACAACAAGCTCATTAATCCAAAAGACAATCAACTTAACAAAGAGAGAAGCGAGACGATTCAGAAGAC
AAGCCAAGTCACTAAAAAGGTTGAAAAGACTCAGCGAACTCGGAAAAACTTTTACAGAGGAATAAGAC
AAAGACCATGGGGCAAATGGGCAGCTGAGATTAGAGACCCTCAAAAAGGCGTTCGAGTTTGGCTCGGT
ACCTATAACACAGCCGAAGAAGCGACTCGAGCCTACGATGAAGCAGCCAAGCGTATCCGTGGTGATAA
AGCCAAGCTCAACTTCCCTCAAACGCCCACCAAAAATCAAGCAGCTTCACCAGCTCTTACTCTGCTTC
CTCCTGCTAAGAAAAGGTGCATCGTTCCCGGAGTTAACTCAACCGAGTTTACCAGACTGGACTCACCA
CCTATATCCCTATGGGTTCTTGGGGTATGAGAAGAAGTGAAAGATTATAAGCCGATTGAAGTGGTGGA
GAGTGAGTTGGAGTTGAAAGAACAAATCTGGAGCCTTGGAATCATCCCTGGGTTTGGAGACTAACCAT
GAGACTATGACTCAGCTGAGTGGTAACGGTGGGACTGACCCACTGGAGCTTTGGACACTTGATGACCC
CGTAACCCAGTATAAGCAACGGCGCTAACATGTTCATTAGTGGGGGCGAAAATTAAATAATAGTTAGC
ATTAATCAATGTTTTTGTGTTACTTAGGGTTTTTTTATTTATGCTATCATGCATTATATATATATATG
AGAATAAAGGATTAACGCTTTGCTCTTGCATGGATTAGTTAGCGTTAATCAATATTTGTGTTTAGGGT
TTTTTATTATGTTGTTATATATGTATATGCTTATGACTTTCATGTTTGTATCAATGCATTAGTTGCAT
TATATATATAAGAATAAAGGATTTAACAAAAAAAAAAAAATAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 222, AAT77191.1| fator de resposta a etileno 2 [Gossypium barbadense]

MCGGAIISDFVAPKYDRKLTGDDLWSELDIFSDLLGFDNNGKSFVNHQFHNNNNNKLINPKDNQLNKE
RSETIQKTSQVTKKVEKTQRTRKNFYRGIRQRPWGKWAAEIRDPQKGVRVWLGTYNTAEEATRAYDEA
AKRIRGDKAKLNFPQTPTKNQAASPALTLLPPAKKRCIVPGVNSTEFTRLDSPPISLWVLGV

SEQ ID NO: 223, AY779338.1| mRNA de fator de transcrição AP2/EREBP ERF-2 de Gossypium hirsutum, cds completo

GCACGAGGATCTAAGAACCCGAAAAGTAGAGCTTTGGTTCTCTGTCTGCTGCTTCTTTCTTCTCTTGG
TACTTCATTATTTTTCCTTTCACTTCCTTTTTGTGAAAAAACATTGAAACCCTTTTCAAGACGCAATA
GAAGATGTGTGGAGGTGCAATCATTTCCGATTTCATTGCCGTGAAACGCGGTCGGAAGTTAACCGCCG
AGGATCTTTGGTCTGAACTTGACACATTCTCCGACCTGTTGGGTCTGGATTACGGAAATGGAAAAGAC
CCTTTCACTCAGTTCGACAACACCAAGGCCGGTTCCAAAGCCAAGAACCTTGAAAAAGTGACAAACGA
GTCGACTCAGAAGACAAGCCGGGGGAGAGAGAAAGAAGGGAAGACTCAGCGAACTCGAAAGAACATTT
ACAGAGGAATCAGGCGAAGGCCATGGGGGAAATGGGCGGCTGAGATAAGAGATCCTCACAAAGGTGTC
CGAATCTGGCTCGGTACATACAACACGGCTGAAGAAGCGGCTCGAGCCTACGATGAAGCCGCCAAGCG
CATCCGCGGGGACAAAGCCAAGCTCAACTTCCCTCAAACTCCACGCCTAACTCAGCCTCCTGCTAAGA
AAAGGTGTATGATGGCTCCTGAGTTGACTCCACCGAGTTCTGAAACCAAGAGCCCACCAACCCCACAA
CCTTTTATGGGTTTTGGTTACGAGAATGGAGTTTACAGGCCGAGTGAAGCAATGGAAAGCGAGATGGA
GCTGAAGGAGCAAATCTCGAGTCTGGAGTCCTTCCTGGGTTTGGAGCCTGATGAGATGACAACTGAGT
TGAGTGGAAGCGCTGAGCCTGAGTCAGTGAACCTTTGGATGCTTGATCACCTTGTGACACATCATCAA
CAACAGCCTCAGCTCTTTTATTAGAAATTAAAAAGTTTAAATTAGGGTAATGTTATGTTTGATATGAT
TATGCTTAAGACTTTAATGTTTGTATTAATGAAGGGTAAATAGTTGTGACAATAAAAAGATTGGCCAC
CCAGTTTTAATTTATATTTATTTCCTAAAATTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 224, AAV51937.1| fator de transcrição AP2/EREBP ERF-2 [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFIAVKRGRKLTAEDLWSELDTFSDLLGLDYGNGKDPFTQFDNTKAGSKAKNLEKVTNES
TQKTSRGREKEGKTQRTRKNIYRGIRRRPWGKWAAEIRDPHKGVRIWLGTYNTAEEAARAYDEAAKRI
RGDKAKLNFPQTPRLTQPPAKKRCMMAPELTPPSSETKSPPTPQPFMGFGYENGVYRPSEAMESEMEL
KEQISSLESFLGLEPDEMTTELSGSAEPESVNLWMLDHLVTHHQQQPQLFY

SEQ ID NO: 225, AY827548.1| mRNA de fator de transcrição EREB1 de Gossypium hirsutum, cds completo

ATGAGACTATGCGGCCGCTGTTACAAGTCGACGAATCAACTTAACAAAGGGAGAAGCGAGACGATTCA
GAAGACAAGCCGAGTCACTAAAAATGTTGAAAAGACTCAGCGAACTCGGAAAAACTTTTACCGAGGAA
TAAGACAAAGGCCATGGGGCAAATGGGCAGCTGAGATTAGAGACCCTCAAAAAGGCGTCCGAGTTTGG
CTCGGTACCCATAACACAGCCGAAGAAGCGGCTCGAGCCTACGATGAAGCCGCCAAGCGTATCCGTGG
TGATAAAGCCAAGCTCAACTTCCCTCAAACGCCCACCAAAAATCAAGCAGCTTCACCAGCTCTTATTC
AGCTTCCTCCTGCTAAGAAAAGGTGCATCGTTCCCGAGTTAACTCAACCGAGTTTCCAGACTGACTCA
CCACCTTATCCTATGGGTCTTGGGTCTGGAAGAAGTGAAGATTATAAGCCGATTGAAGTGGTGGAGAG
TGAGTTGGAGTTGAAAGAACAAATCTGGAGCCTGGAGTCGTTCCTGGGTTTG

FIGURA 28 (Cont.)

GAGCCTGATGAGACAACAACTGAGTTGAGTGGAAGTGCTGAGCCTGACTCAGTGGACCTTTGGATGCT
TGATGACCTTGTGACACATCATCAACAACAGCCTCAGCTCTTTTATTAGAAATTAAAAAGTTTTAATT
AGGGTAATGTTATGTTTGATATGATTATGCTTAAGACTTTAATGTTTGTATTAATGAAGGGTAAATAG
TTGTGACAATAAAAAGATTGGCCACCCAGTTTTAATTTATATTTATTTCTAATTTGGGTGACATGTAA
ATTGGTTTCGAGAAACATTGAAGTACCCATAATGTTAGTTCATGTATCAGATATAGTAAACACTTTGG
ATTAATAAAAAAACCTCCTAATATTTTATTTGTAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 226, AAV85777.1| fator de transcrição EREB1 [Gossypium hirsutum]

MRLCGRCYKSTNQLNKGRSETIQKTSRVTKNVEKTQRTRKNFYRGIRQRPWGKWAAEIRDPQKGVRVW
LGTHNTAEEAARAYDEAAKRIRGDKAKLNFPQTPTKNQAASPALIQLPPAKKRCIVPELTQPSFQTDS
PPYPMGLGSGRSEDYKPIEVVESELELKEQIWSLESFLGLEPDETTTELSGSAEPDSVDLWMLDDLVT
HHQQQPQLFY

SEQ ID NO: 227, AY781119.1| mRNA de proteína de ligação de elemento responsivo a etileno ERF6 de Gossypium hirsutum, cds completo

ATAACCGTCGGTCTATAAATCCTAGACCCCAATACCAAAGCTTTTTCCATCTGAAAAAAAAACAGGTT
TTCTTTTAAGATAACACCCAAAAATGTGTGGAGGTGCAATTATTTCCGATTTCGTCGCCCCCAAATAT
GACCGGAAATTGACCGGCGATGACCTTTGGTCTGAACTTGACATATTCTCCGACCTCCTAGGTTTCGA
CAACAATGGCAAAAGCTTTGTCAATCATCAGTTTCATAACAACAACAACAACAAGCTCATTAATCCAA
AAGACAATCAACTTAACAAAGAGAGAAGCGAGACGATTCAGAAGACAAGCCAAGTCACTAAAAAGGTT
GAAAAGACTCAGCGAACTCGGAAAAACTTTTACAGAGGAATAAGACAAAGACCATGGGGCAAATGGGC
AGCTGAGATTAGAGACCCTCAAAAAGGCGTCCGAGTTTGGCTCGGTACCTATAACACAGCCGAAGAAG
CGGCTCGAGCCTACTATGAAGCCGCCAAGCGTATCCGTGGTGATAAAGCCAAGCTCAACTTCCCTCAA
ACGCCCACCAAAAATCAAGCAGCTTCACCAGCTCTTACTCAGCTTCCTCCTGCTAAGAAAAGGTGCAT
CGTTCCCGAGTTAACTCAACCGAGTTTCCAGACTGACTCACCACCTTATCCTATGGGTCTTGGGTATG
GAAGAAGTGAAGATTATAAGCCGATTGAAGTGGTGGAGAGTGAGTTGGAGTTGAAAGAACAAATCTGG
AGCCTGGAATCATTCCTGGGTTTGGAGACTAACCATGAGACTATGACTCAGCTGAGTGGTAACGGTGG
GACTGACTCACTGGAGCTTTGGACACTTGATGACCTCGTAACTCAGTATAAGCAACGGCGCTAACATG
TTCATTAGTGGGGGCGAAAATTAAATAATAGTTAGCGTTAATCAATGTTTTTGTGTTACTTAGGGTTT
TTTTATTTATGCTATCATGCATTATATATATATATATGAGAATAAAGGATTAACGCTTTGCTCTTGCA
TGGATTAGTTAGCGTTAATCAATATTTGTGTGTTAATTAGGGTTTTTTATTATGTTGTTATATATGTA
TATGCTTAAGGACTTTCATGTTTGTATCAATGCATTAGTTGCATTATATATATTAAGAATAAAGGGAT
TTTACACGTTGCAGTTTGAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 228, AAX07460.1| proteína de ligação de elemento responsivo a etileno ERF6 [Gossypium hirsutum]

MCGGAIISDFVAPKYDRKLTGDDLWSELDIFSDLLGFDNNGKSFVNHQFHNNNNNKLINPKDNQLNKE
RSETIQKTSQVTKKVEKTQRTRKNFYRGIRQRPWGKWAAEIRDPQKGVRVWLGTYNTAEEAARAYYEA
AKRIRGDKAKLNFPQTPTKNQAASPALTQLPPAKKRCIVPELTQPSFQTDSPPYPMGLGYGRSEDYKP
IEVVESELELKEQIWSLESFLGLETNHETMTQLSGNGGTDSLELWTLDDLVTQYKQRR

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 229, AY973613.1| mRNA de fator de resposta a etileno de Mainhot esculenta, cds completo

CTGCAGCGACAACCACCATGTGTGGCGGTGCTATCATCTCCGACTTCATCCCTGCCACCGCTGCTGGC
CGATCCTCGCGACGGTTGACAGCGGACTTTCTCTGGCCTGATCTAAAGAAGCCCATTGGGAAAATCGT
TGGTGACCTTGACGATGATTTCGAGGCTGATTTCCAGGAGTTTAAGGATGAGTCTGATGTCGATGAGG
AAGATGACGTTTTGTTTGATGTCAAGCCTTTCTCTTTCTCTGCTACTGCTTCTCCTCCTCCTCGCAAT
CGCAGTCCTTCACGTGGTTCTACAGCTGTAAAGTCTGTGGAATTTAATGGGCTAGCTGAAAAATCTGC
AAAGAGAAAGAGAAAAAACCAGTACAGAGGAATCCGGCAGCGCCCATGGGGAAAATGGGCTGCTGAGA
TTCGTGACCCCAGGAAAGGGGTGCGTGTCTGGCTAGGAACATTCAATACTGCTGAAGAAGCTGCAAGA
GCGTATGATGCTGAGGCACGTAGAATTCGTGGCAAGAAAGCTAAAGTGAACTTTCCTGATGAAGCTCC
ACGTGCTTCCCCAAAGCGGACAATGAAGGCAAACCCTCAGAAACCACTTCCTAAGAGAAATGCTACTG
AGAGTATGAGTTACTTGAACAATCCAGATCAGGACTACTTCAATACTTTGGGCTCTGTTGATGAGAAA
CCACTAGTGAGCCAGTTTGATTTGATGGACTCTTTTCCTGCCAATGGAGATGCTACAGTCAAATCTAT
TCCTCCATGTGATAATGTTCCCACGTTTTTCAATTCTGATCAGGGAAGCAACTCATTTGAATGTTCCG
ACTTTGGATGGGGGGAGCAGGCCTCAAAGACTCCTGAAATCTCATCTGTTCTTTCAGCTACTCCAGAA
ATTGATGAATCACTTTTCATGGATGATGCTAACCCTAAAAAGAAGATGAAGTCTGACTCTGAAAATGC
AGTTCCTATAGAAGAAAGCAATGGAAAATCTCTATCAGAGGAGTTGTTGGCTTTTGACAACCAGATGA
ACTTTCAGATGCCTTATCTTGAGGGAAGTTGGGAGGCTTCACTTGATGGCTTCCTTAATGGAGACGTG
ACTCAGGATGGTGGAAATCCAATGGACCTGTGGAGCTTTGATGACCTCCCTAATATGGTTGGGGGAGT
TTATTGAGCAAAATCATAATTGCCGGTTGGCTTCTGTAAATAAGGCTACATGGATGGTTTTCTCTCTG
AAATGTATTACAAGCACATCTGAACATGCTTAATCCTTTGAGGAGAGTGTCCTAGGGAGCTTTTGGTA
CAAGAGTTGTAGTAAATAGGAATATTTAGTTTCCCTTTTACATTTTGAGACACTGGACTTGGGTTGTT
CAATTTAATAACTGTAATTGACAATGTGCGTGTGATTTGTGTTTAAAACTGATATAAATTTTATCTCT
ACTGTTGTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 230, AAX84670.1| fator de resposta a etileno [Manihot esculenta]

MCGGAIISDFIPATAAGRSSRRLTADFLWPDLKKPIGKIVGDLDDDFEADFQEFKDESDVDEEDDVLF
DVKPFSFSATASPPPRNRSPSRGSTAVKSVEFNGLAEKSAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRK
GVRVWLGTFNTAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDEAPRASPKRTMKANPQKPLPKRNATESMSYL
NNPDQDYFNTLGSVDEKPLVSQFDLMDSFPANGDATVKSIPPCDNVPTFFNSDQGSNSFECSDFGWGE
QASKTPEISSVLSATPEIDESLFMDDANPKKKMKSDSENAVPIEESNGKSLSEELLAFDNQMNFQMPY
LEGSWEASLDGFLNGDVTQDGGNPMDLWSFDDLPNMVGGVY

SEQ ID NO: 231, (ERF1) mRNA de fator responsivo a etileno/apetala2 de Populus alba x Populus tremula, cds completo

ATAATCACCATCAATCAACATGTGTGGCGGTGCTATCATCTCAGGCTTCATCGCTCCGACAACCACCG
CTCGATCTTCTCGGCGGTTGACCTCGGGCTTTGAGTGGCTTGAGCCGAAGAAACCCTTCAACAACAAG
CACTTGAAGCCAGTTGTTGCTGATCCCGAAGATGATTTTGAGGCTGATCTTCAAGAGTTTAAGGACGA
GTCTGATGTCGACGAGGATTATGATGTCTTTGCTGATGCCAAGCCTTTTGCTTTCTCTGCCAGTGCTT
CTGAACCTGCTAAAAAACGTGGGCTCCCTCGTGGTTCTACTGCTGTTAAATCTGCTGGATTCAGTGGA
CTTGCTAAAAACTCAGCAAAGAGGAAGAGAAAGAACCAGTTTAGAGGAATTAGGCAGCGTCCATGGGG
AAAATGGGCTGCTGAGATTCGTGATCCCAGGAAAGGGGTACGTGTCTGGTTGGG

FIGURA 28 (Cont.)

AACATTCAATACTGCAGAAGAAGCTGCTAGAGCATATGATTCTGAGGCACGTAGAATTCGTGGCAAGA
AAGCGAAGGTGAACTTCCCTGATGAAGCTCCATGTGCTTCAGCAAGGCATCCAATTAAGGAAAACTCA
CAGAAACGACTTACAAAGGCAAATTTAAGCCAGGATTTTAGTTACTTGAGCAACCCAGAAACGGATTA
TAATAATATGGGCTTTGTGGAAGAGAAACCACAAGTGAGCCAGTTTGGAATAATGAATTCTATCCCGG
TCAATGGAGATTCTGGGGTGACGCCCTTAACTCCTTCTGACAATGCTTCTATGTATTTCAATTCTGAC
AAGGGGAGCAACTCATTTGATTGTGACTTTGGGTGGGGAGAACAAGGCGCTGAAATCTTGTCTGTTCT
TGCAGCAACTCCAGAAGTTGATGAATCCGTCTTTGTGGAAGCTAATCCTAAGAAGTTGAAATCATACA
CTGAGTATGCAGTGCCTGTTGAAGAGAGGAATGGAAAATCTCTGTCCGAAGAGTTGCTGGCTTTTGAC
AATCAGTTGATGAACCTTCAGATGCCAGATCTTGTGGGTAACTGGGAGGCTTCTCTTGATAGCTTCCT
TAATGGAGACACAACTCAGGATGGCACAAACGCAGTGGACTTGTGGAGCTTCGAAGACTTCCCCTCCA
TGGTTGGGGGAGTTTATTGAGCCAACTTTTCTGTGCTTGCCAGGTTTTGTAAATAATAAGGCTACATG
AATGGTTGTTTATCTGAGATGGGAATGGAGTGCAACACAGATGAACATGCTTAGCCTTGGTGTGGGAG
AAGCATTCTCAGGAGCATTTTCCATATAAAAGTAGTACATCGGTTTCCCGTTTCATTACATTTGGAGT
CACTGGACTTTGGAAGTTGGATTCGATGACTGTAATTTGACAATGTGGTGTGACTTATTTAGA

SEQ ID NO: 232, AAW33881.1| fator responsivo a etileno/apetala2 [Populus alba x Populus tremula]

MCGGAIISGFIAPTTTARSSRRLTSGFEWLEPKKPFNNKHLKPVVADPEDDFEADLQEFKDESDVDED
YDVFADAKPFAFSASASEPAKKRGLPRGSTAVKSAGFSGLAKNSAKRKRKNQFRGIRQRPWGKWAAEI
RDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDSEARRIRGKKAKVNFPDEAPCASARHPIKENSQKRLTKANLSQ
DFSYLSNPETDYNNMGFVEEKPQVSQFGIMNSIPVNGDSGVTPLTPSDNASMYFNSDKGSNSFDCDFG
WGEQGAEILSVLAATPEVDESVFVEANPKKLKSYTEYAVPVEERNGKSLSEELLAFDNQLMNLQMPDL
VGNWEASLDSFLNGDTTQDGTNAVDLWSFEDFPSMVGGVY

SEQ ID NO: 233, AB236754.1| RNA de Trifolium pratense para fator de transcrição putativo EREBP, cds completo, clone: C1500

GAATCAATCAACAAAACAAAACCCAGTAAAAATTTCAATCCTTTTTAACAAAATCTTCAATTGGGTAT
AAGAAAGTTTCAATCTTTTTCTTGTTAAGATAAAGACAAAGATCTGACAAAAACAGAAAGATGTGTGG
TGGTGCTATTATTTCCGACTTCATTCCAGCTGCGGCGGCGGTGGGTGGTTCCCGCCGTGTCACTGCTG
ATATCTTGTGGCCAAATTTGAGGAAAACTGGTTCCAAAAAATCATCTTTTTTGCTTGACGATGATTTT
GAAGCTGGTTTCAGACAGTTTAAGGATGATTCTGATTTCGATGAAGACGAGGATGAAGATGACGATGA
AGGGTTGTTGGTCGGTGTCAAAGGTTTTACCTTTGCTGCTTCTAACAACAAATCTTCAAGGAACTTCT
CTCGTGGCTCGGCTGGTGCAAAATCCGTGGCATCGAAATCAAATGAGCAAGCTGAAAAGGAATCAAAG
AGAAAGAGGAAGAATCAGTATAGGGGTATCCGCCAACGTCCATGGGGAAAATGGGCAGCTGAGATCCG
TGATCCAAGGAAAGGAGTCCGTGTTTGGCTCGGAACTTTCAACACTGCTGAAGAAGCTGCAAGAGCTT
ACGATGCTGAAGCTAGGAGAATCCGTGGCAAGAAAGCCAAGGTGAATTTCCCCGATGAGGCTCCAAAT
GCTTCCTCAAAACGTCTGAAGACAAATCCTGATAACCAGCTGTTGAACAAAAATCTGAACTCTTTCAA
GCCGAACGGAAACAACAAAATGTTCAATTTCAGCGAGAATATGGAGAACTTCTATTCTCCTATGGATC
AGGTTGAACAGAAACCATTGGTTAACAACCAATATGGTGCTGCTGACATTGGAGCCTTCACTGGAAAC
GGAGTTCACCTTGCACCTGCTGATGTTAATGCTTATTTCAGTTCTGAGCATTCAAGCAACTCGTTTGA
TTATTCTGATTTATGTTGGGGGGAACAAGGCCCGAAAACCCCTGAGATTTCCTCGGTGTTTTCTGCTC
CTCTCGAAGCTGAACCTCAGATGAACATGCAGTCTAACAACTCTCAGGATATGCTACCTATGCAAGCT
GAATCTGCAAAGACACTCTCTGAGGAGCTTGCAGATATCGAATCCCAGCTGAAGTTCTTCGAGAACTC
ATTCGATGATAACTGGAGTGATGCTTCACTTG

FIGURA 28 (Cont.)

CGTCTTTGCTCGGTGCTGATGTAACTCAGGATGCTGGAAACACAATGAACCTTTGGAGCTTTGATGAC
CTGCCTTCCATCGCAGGCGGAGTTTTCTGAACAACTTTCGCCTCACCGGTTATGTAAATAAAGCTACA
AGTTAGTAACTTTCAGTTTACATTCGGTTTGGTTCATTTTGTTTTTACAAGGTGGATAATTAAATTGT
TTTGTTTTCAGGATTGTTGGTTTATTTTTATATTGTTGATGGAATCAGAAACAAGAACAAGTTACCAG
CTTTAATTAAGCGTGGAGTTTTATTCTCTTGTGGCAAAAATAAATTATTTATAGGTTTTTATT

SEQ ID NO: 234, BAE71206.1| fator de transcrição putativo EREBP [Trifolium pratense]

MCGGAIISDFIPAAAAVGGSRRVTADILWPNLRKTGSKKSSFLLDDDFEAGFRQFKDDSDFDEDEDED
DDEGLLVGVKGFTFAASNNKSSRNFSRGSAGAKSVASKSNEQAEKESKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAA
EIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDEAPNASSKRLKTNPDNQLLNKNLN
SFKPNGNNKMFNFSENMENFYSPMDQVEQKPLVNNQYGAADIGAFTGNGVHLAPADVNAYFSSEHSSN
SFDYSDLCWGEQGPKTPEISSVFSAPLEAEPQMNMQSNNSQDMLPMQAESAKTLSEELADIESQLKFF
ENSFDDNWSDASLASLLGADVTQDAGNTMNLWSFDDLPSIAGGVF

SEQ ID NO: 235, AF537220.1| mRNA de proteína responsiva a etileno (EREB) de Glycine max, cds completo

ATTGAGCCAAAGCTTTGTATTTTCTGCGATAATTTTCCATTGGGTGGAAGAAAGTCTCAACCTTTATT
CGAAAGAGCAAGGATCTGAGTTGAGTTGAGTGATCATGTGTGGTGGTGCGATTATCTCCGACTTCATA
CCGGCAGGTCCCGCCAGCGGGGCGCGGCGCGTGACCGCCGACATCCTGTGGCCGAGTTTGAGGAAGCG
CTTCTCGAAGCCGCTGCTGGACGATGATTTCGAGGCTGGGTTCAGAGAATTCAAGGATGATTCGGAAA
TCGAGGATGTTGATGACGAGGACGATGAAGACGAGGAGGAGTTGAAGAAGAAGCCCTTTGGGTTCTCT
CGCTCCAGCAACAAGGCTGCTTCTAAGCCTCTCTCTCGTGGAGCAACAACTGTGAAATCTGTGGAATC
AAAGGGGCAAGCTGAGAAGTGTGCCAAGAGAAAGAGGAAGAACCAGTATCGCGGAATCCGCCAGCGTC
CATGGGGAAAGTGGGCTGCTGAGATTCGCGACCCAAGAAAGGGGGTTCGTGTTTGGCTTGGAACTTTC
AGCACTGCTGAAGAAGCTGCAAGAGCTTACGATGCTGAAGCAAGGAGGATCCGTGGCAAGAAAGCCAA
GGTGAATTTCCCTGATGAGCCTTCAGGCGCTGCTTCCTCAAAACGTCTCAAGGCGAATCCAGAGGCTC
AGCCAATGAAGAAAAATCTGAACTCTGTGAAGCCGAAAATAAACCAGATGTTCAATTTTGGTGACAAT
CTTGAGGGCTACTACAGCCCTATAGATCAGGTGGAACAGAAACCACTGGTTAACCAGTATGTTAACCG
TGCCCCGTTTGCTGGAAATGGAGTTCAAGTCTCACCTGTTACTCCATCTGCTGATGTTACTGCTTACT
TCAGCTCTGAGCATTCGAGCAACTCGTTTGATTATTCTGACCTTGGATGGGGTGAACAAGTCCCCAAG
ACCCCCGAGATCTCATCCTTGCTTTCTGCTGCTCCTTTGGAGGGTGCTGCTGATCAGGTTCAGAAGAC
CAACAACTCGCAGGATGTGGTGGCTGCACAAGATGATTCTGCAAAAACCCTTTCCGAAGAGCTTGCAG
ACATTGAATCCCAGCTCAAGTTCTTTGAGACCCCTTCTTTTCTTGATGAAGCCTGGGCTGATGCTACA
TTGGCGTCTTTGCTCGGCGGAGACGCAACTCATGACGCCGCCGGAAACCCTATGAACCTTTGGAGCTT
CGACGACCTGCCTTCCATGGCAGGAGTCTTCTGAACACCCTTTATCTCCCCTTTTATGTAAATAAAGC
TACAAGAATTGTGATCGTGATGTTGGTGATGGAGTCCACAGCCAAGAAACCTGCTTAAAGCTTATGTG
GAGTTTATTTTATCTTGTAGCTAATGCAGTAGTATAGGACTATATATAGGTTTTTATTATAGGGTATC
CTTTTGTGAACTCAAAGACCTCGTTTTCAGGGGATTTTCTGTTTGATGTCCTTAAGGATTATCAATTA
TGTTATATATGGTCTTGGATAAAAATAAAAAAAAAAAAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 236, AAQ10777.1| proteína responsiva a etileno [Glycine max]

MCGGAIISDFIPAGPASGARRVTADILWPSLRKRFSKPLLDDDFEAGFREFKDDSEIEDVDDEDDEDE
EELKKKPFGFSRSSNKAASKPLSRGATTVKSVESKGQAEKCAKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDP
RKGVRVWLGTFSTAEEAARAYDAEARRIRGKKAKVNFPDEPSGAASSKRLKANPEAQPMKKNLNSVKP
KINQMFNFGDNLEGYYSPIDQVEQKPLVNQYVNRAPFAGNGVQVSPVTPSADVTAYFSSEHSSNSFDY
SDLGWGEQVPKTPEISSLLSAAPLEGAADQVQKTNNSQDVVAAQDDSAKTLSEELADIESQLKFFETP
SFLDEAWADATLASLLGGDATHDAAGNPMNLWSFDDLPSMAGVF

SEQ ID NO: 237, AF459404.1| Narcissus pseudonarcissus DAFSAG9 mRNA de proteína contendo domínio AP-2, cds parcial

ATGTGTGGAGGAGCAATAATCTCTGATTTCATACCTCCATCAAGGTCAAGGAAGCTCACTGCCGATTA
CTTGTGGCCCAATCTCAACAAGGGGAAGGACAAGAAGAAGAGCTTTGGGTTTGAAGATGACTTTGAAG
CTGACTTCAATGAGTTTGAAGATGAGTCTGAGGAGGGGGAATCTGAAGCTGTTGATGTCAAACCCTTT
AAGTTTGGGGCTAAAGCTGGCTTTTCTAGAGAGGGATCGACTTATCTGAAACCCATCGAACTCAATGG
AGCTGCTGAACGATCATCCAAAAGGAAGAGGAAGAACCAATACAGAGGTATCCGTCAGCGTCCATGGG
GTAAATGGGCAGCTGAGATAAGAGATCCTAACAAAGGAGTTCGTGTTTGGCTGGGAACTTTTAACACA
GCTGAAGAAGCTGCGAGAGCCTATGATGATGAAGCCCGTAGGATCCGTGG

SEQ ID NO: 238, AAL67489.1|AF459404_1 proteína contendo domínio AP-2 [Narcissus pseudonarcissus]

MCGGAIISDFIPPSRSRKLTADYLWPNLNKGKDKKKSFGFEDDFEADFNEFEDESEEGESEAVDVKPF
KFGAKAGFSREGSTYLKPIELNGAAERSSKRKRKNQYRGIRQRPWGKWAAEIRDPNKGVRVWLGTFNT
AEEAARAYDDEARRIRG

SEQ ID NO: 239, AJ001911.1| Arabidopsis thaliana mRNA para proteína de ligação de elemento responsivo a etileno

AGTAATTTAGCAGCAACAAACAGAGAAAATGTGTGGCGGTGCTATTATTTCCGATTATGCCCCTCTCG
TCACCAAGGCCAAGGGCCGTAAGCTCACGGCTGAGGAACTCTGGTCAGAGCTCGATGCTTCCGCCGCC
GACGACTTCTGGGGTTTCTATTCCACCTCCAAACTCCATCCCACCAACCAAGTTAACGTGAAAGAGGA
GGAGGCGGTGAAGAAGGAGCAGGCAACAGAGCCGGGGAAACGGAGGAAGAGGAAGAATGTTTATAGAG
GGATACGTAAGCGTCCATGGGGAAAATGGGCGGCGGAGATTCGAGATCCACGAAAAGGTGTCAGAGTT
TGGCTTGGTACGTTCAACACGGCGGAGGAAGCTGCCATGGCTTATGATGTAGCGGCGAAGCAGATCCG
TGGTGAGAAAGCCAAGCTCAACTTCCCAGATCTGGATCATCATCCTTCTACTCCTCCGCCATCGTCTA
CTTCACTAAGATTATCCGATCAGCCACCGGCGAAGAAGGTTTGCGTTGTCTCTCAGAGCGAGTTAGCT
CAGCCGAGTTTCCCGGTGGAGTGTGTTGGATTTGGAAAGGGGGAAGAGTTTCAGAACCTGATGTACGG
ATTTGAACCGGATTATGATTTGAAACAGCAGATATCGAGCTTGGAGTCGTTCCTTGAGCTTGACGGTA
CCACGGCGGAGCAACCGAGTCAACTAGATGAGTCTGTTTGCGATGTGGATATGTGGATGCTTGATGAT
GTCATTGCGTCGTATGAGTAAAAGGAAAAAAAAACAGAAGATAATGTAATATGTAAAAAAAAAAACTA
AATTACT

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 240, CAA05084.1| Ckc2 putativo [Arabidopsis thaliana] similar mas diferente de SEQ ID NO: 40

MCGGAIISDYAPLVTKAKGRKLTAEELWSELDASAADDFWGFYSTSKLHPTNQVNVKEEEAVKKEQAT
EPGKRRKRKNVYRGIRKRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAAMAYDVAAKQIRGEKAKLNFP
DLDHHPSTPPPSSTSLRLSDQPPAKKVCVVSQSELAQPSFPVECVGFGKGEEFQNLMYGFEPDYDLKQ
QISSLESFLELDGTTAEQPSQLDESVCDVDMWMLDDVIASYE

SEQ ID NO: 241, (gi|84662889:105357-105537, 105673-106409) Medicago truncatula clone mth2-18n7, seqüência completa

ATGTGTGGTGGTGCTATCATCGCTGACTTCATTCCTCGCCGTGACGGCCGCCGTCTCACCGCCTCGGA
GCTCTGGCCTAACTCATTTGGCCAACAGATTGACTCCTCAAACTTCGGTTTTTCTCATACTGCTGCTG
ATCAACAACCACCCAGCACTCTCAAAAGATCACAGCCTCCCAAAGTTAATGAACGAGTTGAGAAGCCA
CTGAAAAAACAGAGGAAGAATCTCTATAGAGGAATTCGACAGCGTCCATGGGGAAAATGGGCTGCAGA
GATTCGTGATCCAAGAAAAGGAGTTCGTGTTTGGCTTGGTACATTCAACACTGCTGAAGAAGCTGCTA
GAGCTTACGACAAAGAAGCTCGAAAAATCCGTGGCAAAAAAGCTAAGGTTAATTTTCCTAACGAAGAT
GATGAATATACCATTCATGCTACTCGTCGCTACAATAATAATCCTCCACCGATTCGACCACAGAAGCT
TCCTCTATATCATCAACAACACTATCAGAAGAATCTGAACTTGGAATTTGGTTATGATCTGAACCAAA
CTGACACAATTCATGCTATCAATACTGGTTCTGGTGGTGATGAGAATTCTTTATTTGGGTCTGGTTCA
GTTTCAGAGGTTGGTTTTTCTGTGATGGAGTTCAATGGTGGTTCCAATCAGAATGAATTCGGTTATTT
TGGTGGTGTTGTGAATGAACATGAAAAAGAGAAAGAGAAAGTGGTAGAACAAGAAACACATGTTGTTG
AACAAGCTGAAGCTGAATTAGCAAAAAATGAGGTACAAGAATTGTCTGATGAATTGTTGGCATACGAG
GATTACATGAAGTTTTATCAGATTTACTATGATGGACAATCAGTGATGCCACCTAATAATGTTCAGGA
ACATGTGGTTGGAGATTTATGGAGCTTTGATTGA

SEQ ID NO: 242, ABE84970.1| fator transcricional relacionado a patogênese e ERF [Medicago truncatula]

MCGGAIIADFIPRRDGRRLTASELWPNSFGQQIDSSNFGFSHTAADQQPPSTLKRSQPPKVNERVEKP
LKKQRKNLYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDKEARKIRGKKAKVNFPNED
DEYTIHATRRYNNNPPPIRPQKLPLYHQQHYQKNLNLEFGYDLNQTDTIHAINTGSGGDENSLFGSGS
VSEVGFSVMEFNGGSNQNEFGYFGGVVNEHEKEKEKVVEQETHVVEQAEAELAKNEVQELSDELLAYE
DYMKFYQIYYDGQSVMPPNNVQEHVVGDLWSFD

SEQ ID NO: 113, gi|50300636:c114504-113782 Medicago truncatula clone mth2-28b4, seqüência completa

ATGTCACCCCCTAAACCGTATATAAACCAACTCAAATCTCTGACTTTCCCTTCAACTTCAAAATCTTC
TAAACCTTCAAAAACTCAGTTTCCATACATGAACTACGCCTTCTCCACTACCACCCTCACCTCCGATC
AAGAACTCTCAGTCATCGTCGCTGCCCTAACCAACGTAGTCTCCGGTTCCACCTCCACCGTCGGCTTA
GATCGAATAGTTCAACCGGTGAACATAGAAACCTGTCGGGAATGCAACATAGCAGGATGTTTAGGATG
CAATTTCTTCCCTGAAGAGAAAAAACAAAAACAAAAACAAAAACAAAAGAGAGCTAAGAATAATAAGT
ACAGAGGAGTGAGGCAGAGACCATGGGGAAAATGGGCTGCTGAGATTCGTGACCCGAGACGTGCGGTT
CGTGTTTGGCTTGGAACCTTTACCACGGCGGAGGAAGCTGCTAGAGCTTACGAC

FIGURA 28 (Cont.)

AATGCCGCTATCGAGTTCCGCGGGCCGAGAGCCAAGCTTAATTTTCCACTTGTTGATGAATCTCTTAA
GCGTACTGTTGAGGATCCAGAATTGGTTGTTCATGTAAAGGATGAAGAAATGCAAATTGAGACAACGA
TGGGATTTGGGAATAATACGACTGAATGTGATTTTTGGGATAGTATTGGGGAAGAAGCTGATTTTCAA
CAACTTATGAGGTTTATGGATTCTTCTCATTCTAGAACAGGAAACACTTTTAATTAG

SEQ ID NO: 244, ABE80536.1| fator transcricional relacionado a patogênese e ERF [Medicago truncatula]

MSPPKPYINQLKSLTFPSTSKSSKPSKTQFPYMNYAFSTTTLTSDQELSVIVAALTNVVSGSTSTVGL
DRIVQPVNIETCRECNIAGCLGCNFFPEEKKQKQKQKQKRAKNNKYRGVRQRPWGKWAAEIRDPRRAV
RVWLGTFTTAEEAARAYDNAAIEFRGPRAKLNFPLVDESLKRTVEDPELVVHVKDEEMQIETTMGFGN
NTTECDFWDSIGEEADFQQLMRFMDSSHSRTGNTFN

SEQ ID NO: 245, U77655.1|STU77655 (STWAAEIRD) mRNA de homólogo de proteína de ligação de DNA de Solanum tuberosum

ATTCGGCACGAGACCAAAACCAAAACCAAGCTTCTCTCTTGTTATAATATATATATATATAAAAAAAA
CTCGACCTTTGTACAAACCATTTTTCATATCTGTATCAATCTCTTTGTTTCTGCCATTTTGAGTAAAA
GAGTTTAAATCACACTAAAATGTGTGGTGGTGCAATTCTTTATGATATTATTCCTCGTGACCGCCGTT
TGTCATCCACCGACTTATGGCCAAGCTCTGCTGATTTCTGGCAAACTTCTTCTTTTTCCAAGCCAATT
TCCACCCAAAATGTTCCTCCCAAGCCTAAACGAGCTCAACTCTCTAGAGGTAGTGAGCAGATGAAGAA
GAGGCAAAGGAAGAATCTTTACAGGGGAATCCGACAACGTCCATGGGGTAAATGGGCTGCTGAAATTC
GTGACCCGAGAAAAAGGGTTAGGGTCTGGTTAGGTACTTTCAACACTGCTGAAGCTGCAAGAGCTTAT
GATAGAGAAGCTCGTAAAATCAGGGGAAAGAAAGCTAAAGTTAATTTCCCCAATGAAGACGACGACCA
CTACTACAGTCATCCAGAGCCGCCTCCTTTGAACATTGTTTATGAATCTTATGATACTACTAGTACTT
ACAATCAAGAATCAAATAACTGTTACCCCTTCCACTCAATCGAAAACACTGAACCTGTTATGGAATTC
GCAATTGCTAACAAAAATTCATCTGGCTCTGCTTATAATGGAATTGAAGATCAGAATGTGGAAGGAGA
AGAGCAGACGGTGAAAAATTCAAATAACAGGATCGTAGAGGAAGAGGAAAAAACAGAGGATGAAGTGC
AGATACTTTCTGATGAACTGATGGCTTATGAGTCATTGATGAAGTTCTATGAAATACCGTATGTTGAC
GGGCAATCAGTGGCGGCGACGGTGAATCCAGCGGCGGACACCGAAGTGGGCGGTGGCTCGATGGAGCT
TTGGAGTTTTGATGATGTTAGTCGTCTACAACCAAGTTATAATGTTAGTTTGATTATTGTTTTGTTTA
AATTGTTGCATCTTTTTAGTTTGCTGAATTAGAACTAATTGAGTTTTTGTAATTTTTAATCAATTGTG
TTGAAACTATATTTTTAHTTCATTACTCTATTAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 246, AAC29516.1| homólogo de proteína de ligação de DNA [Solanum tuberosum]

MCGGAILYDIIPRDRRLSSTDLWPSSADFWQTSSFSKPISTQNVPPKPKRAQLSRGSEQMKKRQRKNL
YRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKRVRVWLGTFNTAEAARAYDREARKIRGKKAKVNFPNEDDDHYYSHPE
PPPLNIVYESYDTTSTYNQESNNCYPFHSIENTEPVMEFAIANKNSSGSAYNGIEDQNVEGEEQTVKN
SNNRIVEEEEKTEDEVQILSDELMAYESLMKFYEIPYVDGQSVAATVNPAADTEVGGGSMELWSFDDV
SRLQPSYNVSLIIVLFKLLHLFSLLN

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO: 247, AB085820.1| Solanum tuberosum cip353 mRNA para proteína de domínio AP2/ERF, cds completo

CTTTCACTCAAAAAAAAAAAGGAAAAAATTAAGAGTAACAAAAGATGTGTGGAGGTGCCATAATCTCC
GATTATGAGCCCGCCGGAAACTTCTACCGGAAACTCTCTGCTCGTGACCTGTGGGCTGAGCTGGACCC
TATCTCCGACTACTGGTCCTCTTCCTCCTCATCCTCAACTGTCGAAAACCCTTATTCCGCTCAGTCGC
CGGTGACTCACTCCGTCGATAAGCCTAAGAAATCAGATTCCGGCAAATCTAATCAACTCAAAAAAGGT
AATAAGACTGTGAAGGTTGAGAAGGAGAAGAGTACTGGACCAAGGCAGAGAAAGAACAAGTACAGAGG
AATAAGGCAGAGACCATGGGGAAAATGGGCTGCTGAGATTCGCGATCCTCAGAAGGGTGTCCGTGTTT
GGCTTGGTACATTCAACACAGCAGAGGATGCTGCCAGAGCCTATGATGAGGCTGCTAAGCGCATTCGT
GGTAACAAGGCCAAACTCAACTTCCCTGCCCCATCACCACCTGCTAAGCGACAGTGCACTAGCACTGT
CGCTGCTGATCCTCCACCAGCACTACTCCTTGAGAGTTCTAACATAATATCTTATAACAATTCTCCTT
TAATGAACTTCGGATATGATGTTCAGAGCCAAACTCCCTACTACCCAATGGAAATGCCCGTTGCTAGT
GATGATTATGAACTCAAGGAACAGATTTCCAACTTGGAATCGTTCCTGGAATTGGAGCCAGCAGATTC
ATCTGATCAGTTTTCAGGGATCGTCGATCCTGATCCTCTTAATGTTTTTCTGATGGAGGATTTTGCTT
CAACTCAGCATCAGTTCTATTGATCCTGAGTTGTTTGGTGAGTGATGAGTGACTAGTTTATTAGCTTT
TGGCTGTAGTAGTAGTAATAGAGAAAAAAGTACATATGATATGATAATAATAAGTTGCGTGCCTTAGC
CTGCAATTGTAATAGTATCAATGTTTGTTGTCTTGTGTTGTTTATGCTTTCTAAATCTTGGATTTACC
TTATAATGTTTGGTCATTTGGTGTATGTATTGTAACTATATATGGAGTACTTTATTACTAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 248, BAC56862.1| proteína de domínio AP2/ERF [Solanum tuberosum]

MCGGAIISDYEPAGNFYRKLSARDLWAELDPISDYWSSSSSSSTVENPYSAQSPVTHSVDKPKKSDSG
KSNQLKKGNKTVKVEKEKSTGPRQRKNKYRGIRQRPWGKWAAEIRDPQKGVRVWLGTFNTAEDAARAY
DEAAKRIRGNKAKLNFPAPSPPAKRQCTSTVAADPPPALLLESSNIISYNNSPLMNFGYDVQSQTPYY
PMEMPVASDDYELKEQISNLESFLELEPADSSDQFSGIVDPDPLNVFLMEDFASTQHQFY

SEQ ID NO: 249, AY522505.1| mRNA de fator de transcrição tipo ERF de Coffea canephora, cds completo

AAGTACCGCAAATTTGTAAGCTTAGATCATCAAAAATGTGTGGCGGTGCAATCCTCGAAGGCCTCATC
CCGCCCCGCAACAACAACGACGGCACTCGCCGTCTCTCCTCCGCTGACCTCTGGCCCTCCGCTGCTGA
TTTTTGGCCCAACTCTCACCTTGCCAAGCCCAGCCGCTCCAACCCAACTGATGCCCCCCACAAAGCCA
CGCACGAAACTTGTCACGATCCACATGATGAAGCTGGTGGAAAGCAGCAAGTCCTTCCCAAGGGTGCC
AAGAGGCAGAGGAAAAACTTATACAGGGGGATCAGGCAGCGACCATGGGGGAAATGGGCTGCTGAGAT
TCGAGACCCTAGGAAAGGCGTGAGAGTCTGGTTGGGCACTTTCAACACTGCCGAAGAAGCTGCCAGAG
CCTACGACAAAGAAGCTCGAAAAATCAGAGGCAAGAAAGCCAAGGTTAACTTCCCAAACGAGGATTCG
ACCAGTTATCCCACATGCATCCCTTCGCAAACCCAGTACCAACAGGTACACATCCCCAGCCCTCCCAC
TTTCTGTGGTCCCTCCTCCTCCAATTGCAAGTTCAATCAGCTCCGTGTTGGGTCGTCTGATTGCAGTG
CCAGTGACTGCTATCACGCGAACAGCATCGATGATTGTGCCCGTTTCACCAATATGATGGGTTTTCGA
AATCCAAGCGAAGAGGTTTCTGGTTCTGGTAGTTCGGATAATGAGTGTTTTCTTGGCCACCTTAAACA
AGTAGCCAAGGCGGCGGCGGAGGAGGAGGCGGCTTCGGTTATAACTGAAAATGATACGAAAGACAATA
ACAAAGCAGCTGAAAGCGAGGAGTACCAAGTGGAAAAGCTGTCTGAGGAGCTGCTGGCCTATGAGTCC
TTCATGAAGTTCTATCAGATTCCTTATATAGATGGGCAGT

FIGURA 28 (Cont.)

CCGCAGCTGCATCGGCCAACCCTGCTCAAGAGCTGGCAACTTCTATTCAGCTTTGGAGCTTTGATGAT
GTCTCACCCGCCAATCGCCCAATGCCTCTGTAACCGCCAATCGCCCAAGTTCGATGGTCTTTTTTTTG
GGAGTCCCAATTGCGTTTTGGTGCCTAGTTTTTGTAGGTTTTGCTATGTAATTGACATTAACTTCTTA
AAACATTGTAGGAAATTGTTGTTAGGTTGCAGGTTGGTACTCTTGACCGGCTTGTTTAGTTAAAATAC
CTATATGTAGGTTGGCACTTTGTAATTACTGTTTTTGTGGACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 250, AAS01337.1| fator de transcrição tipo ERF [Coffea canephora]

MCGGAILEGLIPPRNNNDGTRRLSSADLWPSAADFWPNSHLAKPSRSNPTDAPHKATHETCHDPHDEA
GGKQQVLPKGAKRQRKNLYRGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGVRVWLGTFNTAEEAARAYDKEARKIRGK
KAKVNFPNEDSTSYPTCIPSQTQYQQVHIPSPPTFCGPSSSNCKFNQLRVGSSDCSASDCYHANSIDD
CARFTNMMGFRNPSEEVSGSGSSDNECFLGHLKQVAKAAAEEEAASVITENDTKDNNKAAESEEYQVE
KLSEELLAYESFMKFYQIPYIDGQSAAASANPAQELATSIQLWSFDDVSPANRPMPL

SEQ ID NO: 251, DQ102383.2| mRNA de fator abundante em raiz (RAF) de Hordeum vulgare, cds completo

CAGGAAGAGAAAACAATGTGTGGCGGCGCCATCCTAGCGCAGCTGATCCCGCCGTCGGCGGGCCGTCC
GTCGAAGCAGGCGGCAGCGGGCGGCCGGGCCCCGCCCACGAGCTCCAAGAAGGGCGGCGTGAGCAAGA
GCCGCCACAGCAGCACCCCAGATGCCGACGACGACGTCTTCGAGGCCGCCTTCGAGGACTTCGATGAC
CACTTCGACCTGCGGGCGGAGGAGGACGGCGGCGACGACCATGTCGTCTTTGCATCCAAGCCTGCCTT
CTCTCCACGTCCGGCCTACGACGGTGGCCGCGCGGCGCATGCGGCGAGCAGGAAGAAGCGCACCGGCC
ACCTCCATGGCATCCGGCAGCGGCCGTGGGGCAAGTGGGCGGCGGAGATCCGCGACCCGCACAAGGGC
ACCCGCGTCTGGCTCGGCACGTTCGACACGGCCGATGATGCCGCCCGGGCCTACGACGTCGCCGCCCG
TCGCCTCCGTGGCAGCAAGGCCAAGGTCAACTTCCCCGACGCGGCCAGGACCGGGGCTCGCCCGCGCC
GCGCCAGCCGTAGAACCGCGCAGAAACCGCAATGCCCCCCTGCGCGGACGACGGCGTACTCTGCCACC
GCAGCAGCACGCGCACAGCCGGAGCAGGACGCTATGATGGTCAAACCCGAGCTGATGGAGTTTTTCAA
CGTGGACGCCATCGTCCACCTGACCACTGCCGTCGCCGCGCTACCGCCTGTCACGGCGAGCACCTTCG
CCGACACGATGCCGAGGGTCGACGAGGACTCTTCTGTGGGGAGCGGCGGCGGCGCCATGCTGGGGTTC
GCCGACGAGCTTGGGTTCGATCCGTTCATGATGTTCCAGCTACCCTGCTCGGACATGTACGAATCCGC
CGACAGCATCTTCGCCGGAGACGCTGTCATCCCGGATGCCCTCAGCGTGGACAGTGGCATGGACGCCG
TCAGCCTCTGGAGCTTCGACGAGTTCCCCATGGACAGCGCCATTTTCTGACGCTTTCCGTGTGATGCA
CTGCACTCTGTTGGTTGTAAGAATCTCCACCTGGCCTCTACGTAGTTCCTTGTAAATGCCCGCGCACA
GAACCTTGCTCAGACCAGATTCTGTTTCTTGGCCAGGAACGAAAGGAAGGGTTGCTGCCGATGCATGA
TTGCTTCCTCGATGAACGCAGATTCGAAATGTATTCTACTGTTTGAGTTTCTTGTTCGTCACACACTG
TACCAAACTGTATTGTACCCTATCATAATTTCTGCTCGGTACCTCTCTGTACTGCTGGTACCAAACTG
TATTGTACTCTGTCATGATCTGTACTAGTCTTTGGTACTGCTGGTCAATAGTCCTACGAATTGATCAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 252, AAZ14085.2| fator abundante em raiz [Hordeum vulgare]

MCGGAILAQLIPPSAGRPSKQAAAGGRAPPTSSKKGGVSKSRHSSTPDADDDVFEAAFEDFDDHFDLR
AEEDGGDDHVVFASKPAFSPRPAYDGGRAAHAASRKKRTGHLHGIRQRPWGKWAAEIRDPHKGTRVWL
GTFDTADDAARAYDVAARRLRGSKAKVNFPDAARTGARPRRASRRTAQKPQCPPARTTAYSA

FIGURA 28 (Cont.)

TAAARAQPEQDAMMVKPELMEFFNVDAIVHLTTAVAALPPVTASTFADTMPRVDEDSSVGSGGGAMLG
FADELGFDPFMMFQLPCSDMYESADSIFAGDAVIPDALSVDSGMDAVSLWSFDEFPMDSAIF

SEQ ID NO: 253, AB125976.1| Cucumis melo CMe-ERF2 mRNA

para proteína tipo ERF, cds completo

AATTCTCTAATCATGTGTGGCGGCGCCATTATCGCCGACTTAATCCCTCGCCGTGACGGCCAACGCGT
TACCGCTTCCGACATTTGGCCTAACTCCTCCTTCTTCCATTTCAACAAAATTCGCTCCGATCAAGTTT
CAACTCCCCTCAAACGAACCCCCCTCCCGGCCTCTTCCGAGGCTTCGAAGCCCAAGAAGAGGCAGAGG
AAGAATCTTTACAGAGGAATTCGTCAGCGCCCGTGGGGAAAATGGGCGGCTGAGATTCGTGACCCCAG
GAAGGGGATCCGTGTCTGGCTTGGGACTTTCAATACTGCTGAGGAAGCCGCTCGAGCTTACGATCGAG
AAGCTCGCAAGATTCGTGGAAAGAAAGCTAAGGTCAATTTCCCTAATGAAGATGATGCATATTCCATT
CAAGCTCCCATTCCTCAATTTCACCCTCATCTTTACACTGTCCCTGAGAATTCCGAATTCCCCTACGA
TCTCAACCAAATCGGTGATTTCACCGGCACTCACTTTCCCGTGGCGATTGAGGAACAATCCGGCTCTG
GGTCGGAGGATTCTTATTCTCCACCGAAAAGATTCGGTGTGAAAGAGGCTGAAGATCAGAAGCCGGAG
CAGAAGGTTAGCGTTATTGCCGCGGCGGAGGAAGAGAACGAGGTGCAAAAGCTTTCTGAGGAACTAAT
GGCGTATGAGAACTACATGAAGTTCTACCAAATTCCATACCTCGACGGTCAATCGACGGTGACGAATC
CGGCTGAAGAACAAGTGGTGGGCGATCTCTGGAGCTTCGACGACGAGGATGGGCTTCACGGCTCTGTT
TCGTCGTCTGAATTATGATGATTGATGATCCAATAACTTCTCCATATCTCAAACCGGTTTCCTCCATT
TTCTATTGTTGTTTTGTTATTTAATTCCAGAATGTGTTTTATGTAATTTTCTGTCGTTGAACGATGTC
AATTTGTTGATATGAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 254, BAD01556.1| proteína tipo ERF [Cucumis melo]

MCGGAIIADLIPRRDGQRVTASDIWPNSSFFHFNKIRSDQVSTPLKRTPLPASSEASKPKKRQRKNLY
RGIRQRPWGKWAAEIRDPRKGIRVWLGTFNTAEEAARAYDREARKIRGKKAKVNFPNEDDAYSIQAPI
PQFHPHLYTVPENSEFPYDLNQIGDFTGTHFPVAIEEQSGSGSEDSYSPPKRFGVKEAEDQKPEQKVS
VIAAAEEENEVQKLSEELMAYENYMKFYQIPYLDGQSTVTNPAEEQVVGDLWSFDDEDGLHGSVSSSE
L

SEQ ID NO: 255, AB288347.1| Malus x domestica MdERF1 mRNA

para fator de resposta a etileno

CTGAGAGGGCTCTTTTTTCTCTCTAAGTTTCTACAAGTGGCAATATAAACATGTGTGGTGGTGCTATC
ATTTCCGACTTCATCGCCGTCAAGCGCGCCCTGAAGCTGACGGCGGAGGACCTCTGGTCAGATCTTGA
CACCATCTCTGACCTCCTTGGCATAGACTACTCCAACAGCATCAACAAACAGCCGGAGAATCACAAGG
TGGTCCAAAAGCCGAAACCATCTATCACCAAAGTAGTGACAAGTGATGAGAAGCCCAAGCAGGCGAGC
GGGTCTGCTGCTGCCGCAAAAGGCAAGAGAGTGAGAAAAAACGTGTACAGAGGAATAAGGCAGAGGCC
GTGGGGCAAATGGGCGGCTGAGATTCGCGACCCCTACAAAGCCGTCCGGGTCTGGCTCGGCACCTATG
ACACCGCTGAGGAAGCCGCCCGCGCTTACGATGAAGCCGCCGTGCGCATCCGCGGGGACAAGGCCAAG
CTCAACTTTGCCCAACCACCATCCTCTTCACCGCTTCCATCTCTGGCGCCGGATACGCCGCCGCCGAC
AAAGAGGCGGTGCATTGTTGCTGAGTCAACTCGGGTGGAGCCGACTCAAC
CGAGTTTCCAGACCGGTTCTTACTATTATGATCCATTATATCACGGCGGTGGTGGTGGGGAAATGTAT
GCTAAGAAAGAGGTGGCGGGTGGGGACGAGGTGGTGGTAGAGCAGCTGAGTCAGGTGGTGAGTGGAAG
CGGAGAGTCGGACTCGTTGTACCTGTGGATGCTGGATGACCTGGTGGCATATCAGCAACAAG
GGCAGCTTCTGTATTAAGGCAGCGGAATTGTTCTAGCTAAATATTTGTATGGCTAGGAATTAAAAA

FIGURA 28 (Cont.)

CATATTAATTAAAGGGTATGTATGTTTAATTTACGTGTGTGAAATGCGAGTGTTGAGTATGTCTATGA
CTGGGTTTGTGTAACGTGTGTTGTTTGCTACGGTGTTTATGTTTAATAGTAACTGCTTTTGTCTTTGA
AAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 256, BAF43419.1| fator de resposta a etileno [Malus x doméstica]

MCGGAIISDFIAVKRALKLTAEDLWSDLDTISDLLGIDYSNSINKQPENHKVVQKPKPSITKVVTSDE
KPKQASGSAAAAKGKRVRKNVYRGIRQRPWGKWAAEIRDPYKAVRVWLGTYDTAEEAARAYDEAAVRI
RGDKAKLNFAQPPSSSPLPSLAPDTPPPTKRRCIVAESTRVEPTQPSFQTGSYYYDPLYHGGGGGEMY
AKKEVAGGDEVVVEQLSQVVSGSGESDSLYLWMLDDLVAYQQQGQLLY

FIGURA 28 (Cont.)

SEQ ID NO 257, Oryza sativa – DNA

GGCACGCGCCTCCTCGGAATCGCCACGAGACCCTTGNAGCCAGATAAAAAAGGAAAAAAAGAGAGTCG
TAGTTCGCCTCTTCTTCCTCCTCTCGTTCTCGCGGCCATATCGAATTCCTGCAGCCCGGGGGATCCCC
GAATTCAGCTCAGTAAATCTGTTGATTGCTCGTTTCAAATCATCATCGGTGTTTCGTTTCTTGATTTC
TTGATCCATCCATGGCGACGACAGTGGATTGGTGTGGCCGTGGCAGCAATCTTCCTGCTGCGATGTAT
GACATGGTGGTGGATAGCAAGGAGCTAATGGGCGCGCTTGCTCCGTCCATGGTGTCCTTCTCCTACCC
GTGTTCCGAGCAGAGCGCGAGCTCGCTTCTTGCTGGCGCCAACTACCTGACTCCCGCGCAGGTGCTCC
ATGTCCAGGCGCAGCTACAGCGCCTGCGCCGCCCGGGCGCGGCGAGCGGCTGCCTCGCCGCGGCGCCG
CCGCTGCCGATGAAGCGGCATGGCGCGGTGGCGGTGGCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCCGGT
CAAGCTGTACCGCGGCGTCAGGCAGCGGCATTGGGGCAAGTGGGTGGCGGAGATCCGCCTGCCGCGCA
ACCGCACCCGCCTCTGGCTGGGCACCTTCGACACCGCCGAGGAGGCCGCGCTGGCGTACGACAGCGCC
GCGTTCCGCCTCCGCGGCGAGTCCGCGAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCCGCCGCGGCGGCGCCCACCT
CGGCCCGCCGCTCCACGCCGCGGTCGACGCCAAGCTCCACGCCATCTGCCACGGGATGGACCTGCCCC
AACCCCAACCCCAAACCCAGAGCAATGCGACGACGACGACGATGTCGACGACGGCGACGAACACCCCA
AGCCCCTTCTTCTCCTCGGAGAGCCCGGTGGTCAAGAGCGAGCCCGTCTGCTCCGCCTCCGAGAGCTC
TTCCTCGGCCGACGGCGACGTGTCATCGACGGGCTCCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCAGCTGCTCG
ACTTCTCGGAGGCGCCATGGGACGAGTCCGAGAGCTTCCTGCTGCACAAGTACCCGTCGCTGGAGATC
GACTGGGACGCCGATCCTTTCCTGATGCAGTGGCTGAATCTTCTTCCTCTCCCTGTTCTTGACTCCAG
CTCTTGGTGTCCTGAACATTTTCACAACTCAGAGAGTGATGCTCTACCTTGATTAGCTACATGTTAAT
CTAGGTTTTGGGTTTGATCATGCCATCGGATTCTGTAGCATCAACCCCTGGTCTGCTTGGTTTTTTCA
AGTGGCATTGCACAGGAAGGAGGTCTCAGAGNTTTGGTAATTGCGAGTTGTGCAACCCTGCA

SEQ ID NO 258, Oryza sativa – proteína

MATTVDWCGRGSNLPAAMYDMVVDSKELMGALAPSMVSFSYPCSEQSASSLLAGANYLTPAQVLHVQA
QLQRLRRPGAASGCLAAAPPLPMKRHGAVAVAAAAAAARAPVKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTR
LWLGTFDTAEEAALAYDSAAFRLRGESARLNFPELRRGGAHLGPPLHAAVDAKLHAICHGMDLPQPQP
QTQSNATTTTMSTTATNTPSPFFSSESPVVKSEPVCSASESSSSADGDVSSTGSSDVVPEMQLLDFSE
APWDESESFLLHKYPSLEIDWDADPFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP

SEQ ID NO 259, Oryza sativa – DNA

GGCTTAAACAATGGCGACGACAGTGGATTGGTGTGGCCGTGGCAGCAATCTTCCTGCTGCGATGTATG
ACATGGTGGTGGATAGCAAGGAGCTAATGGGCGCGCTTGCTCCGTCCATGGTGTCCTTCTCCTACCCG
TGTTCCGAGCAGAGCGCGAGCTCGCTTCTTGCTGGCGCCAACTACCTGACTCCCGCGCAGGTGCTCCA
TGTCCAGGCGCAGCTACAGCGCCTGCGCCGCCCGGGCGCGGCGAGCGGCTGCCTCGCCGCGGCGCCGC
CGCTGCCGATGAAGCGGCATGGCGCGGTGGCGGTGGCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCCGGTCAAG
CTGTACCGCGGCGTCAGGCAGCGGCATTGGGGCAAGTGGGTGGCGGAGATCCGCCTGCCGCGCAACCG
CACCCGCCTCTGGCTGGGCACCTTCGACACCGCCGAGGAGGCCGCGCTGGCGTACGACAGCGCCGCGT
TCCGCCTCCGCGGCGAGTCCGCGAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCCGCCGCGGCGGCGCCCACCTCGGC
CCGCCGCTCCACGCCGCGGTCGACGCCAAGCTCCACGCCATCTGCCACGGGATGGACCTGCCCCAACC
CCAACCCCAAACCCAGAGCAATGCGACGACGACGACGATGTCGACGACGGCGACGAACACCCCAAGCC
CCTTCTTCTCCTCGGAGAGCCCGGTGGTCAAGAGCGAGCCCGTCTGCTCCGCCTCCGAGAGCTCTTCC
TCGGCCGACGGCGACGTGTCATCGACGGGCTCCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCAGCTGCTCGACTT
CTCGGAGGCGCCATGGGACGAGTCCGAGAGCTTCCTGCTGCACAAGTACCCGTCGCTGGAGATCGACT
GGGACGCGATCCTTTCCTGATGCAGTGGCTGAATCTTCTTCCTCTCCCTGTTCTTGAACCCAGCTTTC
TTGTACAAAG

FIGURA 29

SEQ ID NO 260, Oryza sativa – proteína

MATTVDWCGRGSNLPAAMYDMVVDSKELMGALAPSMVSFSYPCSEQSASSLLAGANYLTPAQVLHVQA
QLQRLRRPGAASGCLAAAPPLPMKRHGAVAVAAAAAARAPVKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRL
WLGTFDTAEEAALAYDSAAFRLRGESARLNFPELRRGGAHLGPPLHAAVDAKLHAICHGMDLPQPQPQ
TQSNATTTTMSTTATNTPSPFFSSESPVVKSEPVCSASESSSSADGDVSSTGSSDVVPEMQLLDFSEA
PWDESESFLLHKYPSLEIDWDAILS

SEQ ID NO 261, Oryza sativa – DNA

ATGGCGACGACAGTGGATTGGTGTGGCCGTGGCAGCAATCTTCCTGCTGCGATGTATGACATGGTGGT
GGATAGCAAGGAGCTAATGGGCGCGCTTGCTCCGTCCATGGTGTCCTTCTCCTACCCGTGTTCCGAGC
AGAGCGCGAGCTCGCTTCTTGCTGGCGCCAACTACCTGACTCCCGCGCAGGTGCTCCATGTCCAGGCG
CAGCTACAGCGCCTGCGCCGCCCGGGCGCGGCGAGCGGCTGCCTCGCCGCGGCGCCGCCGCTGCCGAT
GAAGCGGCATGGCGCGGTGGCGGTGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCCGGTCAAGCTGTACCGCG
GCGTCAGGCAGCGGCATTGGGGCAAGTGGGTGGCGGAGATCCGCCTGCCGCGCAACCGCACCCGCCTC
TGGCTGGGCACCTTCGACACCGCCGAGGAGGCCGCGCTGGCGTACGACAGCGCCGCGTTCCGCCTCCG
CGGCGAGTCCGCGAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCCGCCGCGGCGGCGCCCACCTCGGCCCGCCGCTCC
ACGCCGCGGTCGACGCCAAGCTCCACGCCATCTGCCACGGGATGGACCTGCCCCAACCCCAACCCCAA
ACCCAGAGCAATGCGACGACGACGACGATGTCGACGACGGCGACGAACACCCCAAGCCCCTTCTTCTC
CTCGGAGAGCCCGGTGGTCAAGAGCGAGCCCGTCTGCTCCGCCTCCGAGAGCTCTTCCTCGGCCGACG
GCGACGTGTCATCGACGGGCTCCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCAGCTGCTCGACTTCTCGGAGGCG
CCATGGGACGAGTCCGAGAGCTTCCTGCTGCACAAGTACCCGTCGCTGGAGATCGACTGGGACGCGAT
CCTTTCCTGA

SEQ ID NO 262, Oryza sativa – proteína

MATTVDWCGRGSNLPAAMYDMVVDSKELMGALAPSMVSFSYPCSEQSASSLLAGANYLTPAQVLHVQA
QLQRLRRPGAASGCLAAAPPLPMKRHGAVAVAAAAAARAPVKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRL
WLGTFDTAEEAALAYDSAAFRLRGESARLNFPELRRGGAHLGPPLHAAVDAKLHAICHGMDLPQPQPQ
TQSNATTTTMSTTATNTPSPFFSSESPVVKSEPVCSASESSSSADGDVSSTGSSDVVPEMQLLDFSEA
PWDESESFLLHKYPSLEIDWDAILS

SEQ ID NO 263, Triticum aestivum – DNA

GCTCTCCTCGGCTTCCCTTCCTCCAAATCGTCGGCGTTTCTTGATCGACGAGGGCATGGCGACGACGG
TGGACTGGCGCAGCTATAGGCCCGATCTTCCTGCCGCGATGTATCACATGGTGGACAGCAGGGACCAG
GTAATGCACGCGTTTGCTCCGGCGACGGCGCAGGGCGCGGCTCCGACCATCTCGTTCGCCTTCCCCTG
CCCCGGCGCGGAGCAGAGCGCCGGCCTGCTTCGTGGCGCCAGCTACCTCACTCCCGCGCAAATCCTCC
AGCTCCAGTCGCAGCTGCACCACGTGCGCCGGGCGCCGGGCGCGGCCATGGCCGCGGTGGGGCAGCCG
ATGAAGCGGCACGGCGTGGCAGCGCTCCCGGCGCGGCCGGCGACCAAGCTTTACCGCGGCGTAAGGCA
GCGGCATTGGGGGAAGTGGGTCGCCGAGATCCGCCTGCCCCGCAACCGCACCCGCCTCTGGCTCGGCA
CCTTCGACACCGCCGACGAGGCCGCGCTGGCCTACGACGCCGCCGCCTTCCGGCTCCGCGGCGAGTCC
TCCAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCAGGCGCGGCGGCGAGCACCACGGCCCGCCGCTCGACGCCGCGAT
CGACGCCAAGCTCCGCTCCATCTGCCACGGGGAAGACATGCCCCAGAGCCAGAGCGATGAGACGCCGG
CGCCGACGACGACACTGACGCCGATTTCTTTCCCGGACGTCAAGAGCGAGCCAGTCTGCTCCGTCTCC
GAGAGCTCGTCGTCGGCTGACGGCGAGGTGTCCTCGTGCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCAGCTTCT
TGATTTCTCGGAGGCTCCATGGGACGAGTTCCTGCTGCGCAAGTACCCGTCGCTCGAGATCGACTGGG
ACGCGATCCTTTCTTGAATCAAGTTCATGCTCGATCCACAGCTCG

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 264, Triticum aestivum – proteína

MATTVDWRSYRPDLPAAMYHMVDSRDQVMHAFAPATAQGAAPTISFAFPCPGAEQSAGLLRGASYLTP
AQILQLQSQLHHVRRAPGAAMAAVGQPMKRHGVAALPARPATKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTR
LWLGTFDTADEAALAYDAAAFRLRGESSRLNFPELRRGGEHHGPPLDAAIDAKLRSICHGEDMPQSQS
DETPAPTTTLTPISFPDVKSEPVCSVSESSSSADGEVSSCSDVVPEMQLLDFSEAPWDEFLLRKYPSL
EIDWDAILS

SEQ ID NO 265, Triticum aestivum – DNA

GCTCTCCTCGGCTTCTCTTCCTCCAAATCGTCGGCGTTTCTTGATCGACAGGGCATGGCGACGACGGT
GGACTGGCGCAGCTATAGGCCCGATCTTCCTGCGGCGATGTACCGCATGGTGGACAGCAGAGACCAGG
TAATGCACGCGTTCGCTCCGCCGACGGCGCAGGGCGCGGCTCCGACCATCTCGTTCGCCTTCCCATGC
CCCGGCGCGGATCAGAGCGCCGGCCTGCTTCGTGGCGCCACCTACCTCACTCCCGCGCAAATCCTCCA
GCTCCAGTCGCAGCTCCACCACGTGCGCCGGGCGCCGGGCGCGCCCATGGCCGCGGTGGGGCAGCCGA
TGAAGCGGCACGGCGTGGCGGCGCTCCCGGCGCGGCCGGCGACCAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAG
CGGCATTGGGGGAAGTGGGTCGCGGAGATCCGCCTGCCCCGCAACCGCACCCGCCTCTGGCTCGGCAC
CTTCGACACCGCCGACGAGGCCGCGCTGGCCTACGACGCCGCCGCCTTCCGGCTCCGCGGCGAGTCCG
CCAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCAGGCGCGGCGGCGAGCACCACGGCCCGCCGCTCGATGCCGCGATC
GACGCCAAGCTCCGCTCCATCTGCCACGGGGAAGACATGCCGCAGAGCCAGAGCAATGAGACGCCGGC
GCCGACGCCGACACTGACGCCGATTTCTTTCCCGGACGTCAAGAGCGAGCCAGTCTGCTCCGTCTCCG
AGAGCTCTTCGTCGGCTGACGGCGAGGTGTCCTCGTGCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCAGCTTCTT
GATTTCTCGGAGGCTCCATGGGACGAGTCCCTGCTGCGCAAGTACCCGTCGCTCGAGATCGACTGGGA
CGCGATCCTTCCTTGAATCAAGTTCATGCTCGATCCACAGCTCGTCCAAAGTGATTACTTCGGCTTCC
ACTTAGGCTCGATCGAGTATACGCGTGTAGCATCAACCCCTCCCTGC

SEQ ID NO 266, Triticum aestivum – proteína

MATTVDWRSYRPDLPAAMYRMVDSRDQVMHAFAPPTAQGAAPTISFAFPCPGADQSAGLLRGATYLTP
AQILQLQSQLHHVRRAPGAPMAAVGQPMKRHGVAALPARPATKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTR
LWLGTFDTADEAALAYDAAAFRLRGESARLNFPELRRGGEHHGPPLDAAIDAKLRSICHGEDMPQSQS
NETPAPTPTLTPISFPDVKSEPVCSVSESSSSADGEVSSCSDVVPEMQLLDFSEAPWDESLLRKYPSL
EIDWDAILP

SEQ ID NO 267, Triticum aestivum – DNA

TCCTCCAGCTCCAGTCGCAGCTCCACCACGTGCGCCGGGCGCCGGGCGCGGCCATGGCAGTGGCGGGG
CAGCCCATGAAGCGGCACGGCGTTGCGGCGCTCCCGGCGCAGCCGGCGGCCAAGCTGTACCGCGGCGT
GCGGCAGCGGCATTGGGGGAAGTGGGTCGCCGAGATCCGCCTGCCCCGCAACCGCACCCGCCTCTGGC
TCGGCACCTTCGACACCGCCGACGAGGCCGCGCTGGCCTACGACGCCGCCGCCTTCCGGCTCCGCGGC
GAGTCCGCCAGGCTCAACTTCCCCGAGCTCAGGCGCGGCGGCGAGCACCACGGCCCGCCGCTCGACGC
CGCGATCGACGCCAAGCTCCGCTCCATCTGCCACGGGGAGGACCTGCCGCAGAGCCAGAGCAATGCGA
CGCCGGCGCCGACGCCGACCCTGACGCCGAGCTCTTTCCCGGACGTCAAGAGCGAGCCAGGCTGCTCC
GTCTCCGAGAGCTCGTCGTCGGCCGACGGCGAGGTGTCCTCGTGCTCCGACGTCGTCCCGGAGATGCA
GCTTCTTGATTTCTCGGAGGCTCCATGGGACGAGTCCCTGCTGCGCAAGTACCCGTCGCTCGAGATCG
ACTGGGACGCGATCCTTTCTTGAACCGAGTTCATGCCCGATCCACAGCTCGTTCAAAGTGATTGCTTC
TGCTTTCGTTAGGCTCTTAGATAGGTTATTATGGGTTTGATCAAGTATTCTTGTGTAACATCAATCCC
TGCTCTGCTTGGTTTTTGAATGGCATTGCCAGGAAGGAGGTTTTATGTAGAAATTTTAAGTATGTCAT
GTAGTTTGTGATTCATTTTTTTTTTTTTTT

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 268, Triticum aestivum – proteína

MAVAGQPMKRHGVAALPAQPAAKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTADEAALAYDAAA
FRLRGESARLNFPELRRGGEHHGPPLDAAIDAKLRSICHGEDLPQSQSNATPAPTPTLTPSSFPDVKS
EPGCSVSESSSSADGEVSSCSDVVPEMQLLDFSEAPWDESLLRKYPSLEIDWDAILS

SEQ ID NO 269, Oryza sativa – DNA

TTTTTCTCTTCTGGATTCTTGCCGATTTTTAGGCTTCCTTTGCTTTTCTAAGGCCAGAAAGGGTTGTT
TTGCAATACCCTTCTAGTTCATCCTCTCAAATTTTTCTTCTTTCTATTCAAAAGCTCTTTCTTTCTTT
GCACCCTTTGTTTCTCTACTTTTATTGAGGAACAGGGCTGATTTTTCACTTCTTGCATCCAAAAAGCA
CCCCTTTTTTCTTTCCTGTTTTTAAGATTTCCATACCCTTGCCATCTTCATCTTCTACCTCCATCCAG
TCCTCATGGCCGCAGCAATAGACATGTACAAGTATAACACTAGCACACACCAGATCGCATCCTCGGAT
CAGGAGCTCATGAAAGCGCTCGAACCTTTTATTAGGAGCGCTTCTTCTTCCTCCGCTTCCTCCCCCTG
CCACCACTACTACTCTTCTTCTCCTTCCATGAGCCAAGATTCTTACATGCCCACCCCATCTTATCCCA
CTTCCTCTATCACAACCGCCGCCGCCACCACCACCTCGTCTTTCTCGCAGCTACCTCCGCTGTACTCT
TCGCAGTATCATGCTGCTTCACCTGCGGCGTCGGCGACGAACGGGCCGATGGGGCTGACCCACCTGGG
CCCAGCCCAGATCCAGCAGATCCAGGCCCAGTTCTTGGCCCAGCAGCAGCAGCAGAGGGCCCTGGCCG
GCGCCTTCCTTCGGCCGCGTGGCCAGCCGATGAAGCAGTCCGGGTCGCCGCCGCGCGCGGGGCCGTTC
GCGGCGGTCGCCGGGGCGGCGCAGTCGAAGCTCTACCGCGGAGTGCGGCAGCGCCACTGGGGGAAGTG
GGTGGCGGAGATCCGCCTCCCGAAGAACCGGACGCGGCTGTGGCTCGGCACCTTCGACACCGCCGAGG
ACGCCGCGCTCGCCTACGACAAGGCCGCCTTCCGCCTCCGCGGCGACCTCGCGCGGCTCAACTTCCCC
ACCCTCCGCCGCGGCGGCGCCCACCTCGCCGGCCCGCTCCACGCCTCCGTCGACGCCAAGCTCACCGC
CATCTGCCAGTCCCTCGCCACGAGCTCGTCCAAGAACACCCCCGCCGAGTCAGCGGCCTCCGCGGCGG
AGCCGGAGTCCCCCAAGTGCTCGGCGTCGACGGAAGGGGAGGACTCGGTGTCCGCCGGCTCCCCTCCT
CCGCCCACGCCGCTGTCGCCCCCGGTGCCGGAGATGGAGAAGCTGGACTTCACGGAGGCGCCATGGGA
CGAGTCGGAGACATTCCACCTGCGCAAGTACCCGTCCTGGGAGATCGACTGGGACTCAATCCTCTCAT
AAACAAGCAGAAGCAGCTACTACTAGTCTATTACTAGTACTAGTAGTAGTCTTCGTCAAGCTAGAGTC
ACTCAACTCAACTAGCTGTGTAATCTTCTCTGAATTCCGTGGCTTCCATGGCTCGGTGGCATTTTAGA
CGTCGGCCATGGCTGCTGCGAGTAGCAGTAACTAGTCAGTACTCAGTAGTAGTAAGGTCGTTGGTATT
ACGTCGTCGTGCAAGTGTCGTTGGTGTACTCAGTGATCTGATCTCCTGGTTGAGCTGCCGGTTGTTTT
TTTCACGGCGCGGCCGGTCGAGAATTAAGCTGTAATCCCTTGTTACATGTTGGAAATTCAGTAGCTTA
TGTAACTATATGTACCTTTCTC

SEQ ID NO 270, Oryza sativa – proteína

MAAAIDMYKYNTSTHQIASSDQELMKALEPFIRSASSSSASSPCHHYYSSSPSMSQDSYMPTPSYPTS
SITTAAATTTSSFSQLPPLYSSQYHAASPAASATNGPMGLTHLGPAQIQQIQAQFLAQQQQQRALAGA
FLRPRGQPMKQSGSPPRAGPFAAVAGAAQSKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEDA
ALAYDKAAFRLRGDLARLNFPTLRRGGAHLAGPLHASVDAKLTAICQSLATSSSKNTPAESAASAAEP
ESPKCSASTEGEDSVSAGSPPPPTPLSPPVPEMEKLDFTEAPWDESETFHLRKYPSWEIDWDSILS

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 271, Arabidopsis thaliana – DNA

ATGGCTTTAAACATGAATGCTTACGTAGACGAGTTCATGGAAGCTCTTGAACCATTCATGAAGGTAAC
TTCATCTTCTTCTACTTCGAATTCATCAAATCCAAAACCATTAACTCCTAATTTCATCCCTAATAATG
ACCAAGTCTTACCGGTATCTAACCAAACCGGTCCGATTGGGCTAAACCAGCTCACTCCAACACAAATC
CTCCAAATTCAGACAGAGTTACATCTCCGGCAAAACCAATCTCGTCGTCGCGCTGGTAGTCATCTTCT
CACCGCTAAACCAACCTCAATGAAGAAAATCGACGTAGCAACTAAACCGGTTAAACTATACCGAGGCG
TAAGACAGAGGCAATGGGGTAAATGGGTAGCTGAGATTCGGCTACCTAAAAACCGAACCCGGTTATGG
CTCGGTACGTTCGAAACGGCTCAAGAAGCTGCATTAGCTTACGATCAAGCAGCTCATAAGATCAGAGG
AGACAACGCTCGTCTCAATTTCCCAGACATTGTTCGTCAAGGACACTATAAACAGATATTGTCTCCGT
CTATCAACGCAAAGATCGAATCCATCTGCAATAGTTCTGATCTTCCACTGCCTCAGATCGAGAAACAG
AACAAAACAGAGGAGGTGCTCTCTGGTTTTTCCAAACCGGAGAAAGAACCGGAATTTGGGGAGATATA
CGGATGCGGATACTCGGGCTCATCTCCTGAGTCGGATATAACGTTGTTGGATTTCTCAAGCGACTGTG
TGAAAGAAGATGAGAGTTTCTTGATGGGTTTGCACAAGTATCCTTCTTTGGAGATTGATTGGGACGCT
ATAGAGAAACTCTTCGGA

SEQ ID NO 272, Arabidopsis thaliana – proteína

MALNMNAYVDEFMEALEPFMKVTSSSSTSNSSNPKPLTPNFIPNNDQVLPVSNQTGPIGLNQLTPTQI
LQIQTELHLRQNQSRRRAGSHLLTAKPTSMKKIDVATKPVKLYRGVRQRQWGKWVAEIRLPKNRTRLW
LGTFETAQEAALAYDQAAHKIRGDNARLNFPDIVRQGHYKQILSPSINAKIESICNSSDLPLPQIEKQ
NKTEEVLSGFSKPEKEPEFGEIYGCGYSGSSPESDITLLDFSSDCVKEDESFLMGLHKYPSLEIDWDA
IEKLFG

SEQ ID NO 273, Oryza sativa – DNA

ATGGCGGCCATAGATTTGTACAAGTATCAGCTGAGCTCCTCGTCCTCGTCTTCTTCCTCCGATCAGGA
GCTCATGAAAGCGCTCGAACCTTTTATCAGGAGCGCTTCACCCACCTCCACCTCCACCTCCACGCCAT
TGTTCTACTCCTCTAGCTCCATCTCCACCACCACCACCACTCCCTTCTCCTACTCGTCTCCATTGCCG
CAAGAATCGTACTACCTCCCTGCTTCTTCGTCCTACGCCGCCATTGTTCCACCTCCGACGACGACGAC
GAACACCACCACCTCCTTCTCGGAGCTCCCTCCCCTGCCTCCCTCCTCCTCGTCGTTCGCCTCGCCGG
CGAATGCTGCGGCGGTGGGGCTGGCTCACCTTGGCCCGGAGCAGATCCAGCAGATTCAGGTGCAGTTC
TTGATGCAGCAGCAGCTGCAGCAGCGGGGGATGGCGGCGTCGGCGTCGGCGTCGGCGGCGGCGTCGTA
CCTTGGCCCGCGGGCGCAGCCCATGAAGCAGGCCGGGGCGGCGGCGGCGGCGGCCGGCGGCAAGA
TGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCACTGGGGGAAGTGGGTGGCGGAGATCCGGCTGCCGAAGAACCGG
ACGCGGCTGTGGCTGGGCACGTTCGACACCGCCGAGGACGCGGCGCTCGCCTACGACAAGGCGGCGTT
CCGCCTCCGCGGCGACGCCGCGCGCCTCAACTTCCCCACGCTCCGCCGCGGCGGCGCCCACCTCGCCG
GCCCGCTCCACGCCTCCATCGACGCCAAGCTCACCGCCATCTGCCACAGCCTCGCCGCCGCGCCGCCC
GCCTCCTCCAAGAAAGCCGCCGCCGCCGCCGCTCACCCGGACTCGCCCAAAGGCTCCGCGTCGACGAC
GACCACGACGTCGGAGGGAGACGAGTCGGCGATCTCCGCCTGTTCGCCTCCTCTCCCGCCGCCGCCAC
CGCCGCCGCCGGCGGCGCTCCCCGAGATGGCAAACCTTGACTTCACGGAGGCGCCATGGGACGAATCC
GACGCCTTCCACCTCTACAAGTGTCCGTCATGGGAGATCGACTGGGACTCCATCCTCTCGTGA

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 274, Oryza sativa – proteína

MAAIDLYKYQLSSSSSSSSSDQELMKALEPFIRSASPTSTSTSTPLFYSSSSISTTTTTPFSYSSPLP
QESYYLPASSSYAAIVPPPTTTTNTTTSFSELPPLPPSSSSFASPANAAAVGLAHLGPEQIQQIQVQF
LMQQQLQQRGMAASASASAAASYLGPRAQPMKQAGAAAAAAAGGKMYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNR
TRLWLGTFDTAEDAALAYDKAAFRLRGDAARLNFPTLRRGGAHLAGPLHASIDAKLTAICHSLAAAPP
ASSKKAAAAAAHPDSPKGSASTTTTTSEGDESAISACSPPLPPPPPPPPAALPEMANLDFTEAPWDES
DAFHLYKCPSWEIDWDSILS

SEQ ID NO 275, Asparagus officinalis – DNA

CCACCTTTGATCACTCCTCGCCATCAAACTCCAGTCTTTTGAGCATGGACCAGCCTGATCTGAGCCAA
GTTGGGCCAGTTGGGCTGACCCAACTGAGCCCACTTCAAATCCAGCAGATCCAAGCTCAAATCCAGCT
CAACCACCAACACCAGCTAATGGTCTCCAGAACCCTGCAAGCTAGAAATTACCATAACACCCTCGGTG
TAAAGCCCCAGCCCATGAAGCTCCAGGCCTCGGTCGCTGCACCTCAGTCAAAACCCACGAAGCTCTAC
AGAGGGGTGAGGCAAAGGCACTGGGGTAAATGGGTTGCAGAGATCAGACTGCCGAAGAATCGAACCAG
GCTTTGGCTTGGAACCTTTGACACTGCTGAAGAAGCTGCCTTGGCCTATGACAAGGCTGCTTACAAAT
TGAGAGGGGACTACGCGAGGCTCAATTTCCCTAACCTGAAGCATACCCATCTGGCTGGCAACCCTCTG
CACTCGTCTGTTGATGCCAAGCTCGAAGCAATTTGCCAGACCCTGGAGAGCCCTGGGAAGAAGAAGGT
TAGCACCGGGTCGAAGCCTGAGCCGGTTGTTTCATCGCCGACTGTTGAGACCGAGGAGGAGTCTTCCT
CTTCTTCTTCGGTGACGGGGGCGACGAATTCTCCGGTTTCAGAGATCGAGAGCTTGGATTTCAATGAG
GTGCCGTGGGATGAGACTGAGGACTTTGTGTTGAGGAAATACCCATCCTATGAGATTGATTGGGATTC
TATATTGTCTTCAGCTTAGTAGTGTCTGGTTTGTGCTTGTTGTTGTTAGATTTGGGGGTCTTTAGTGG
CTGTTGCAAATGGAGTTTTTGGCATTTGCGTAGCCTTGTTCAGGGATTTTTAGTTTAGTTTATTTTTT
TTTCTTTCTTTTAGAGTGTAAGAACTCATGGCCTCTGCTGATTATTTTTGCTTGGCGAGGCCGTTGAG
GGGTTAAGTGTACTACTATTGTCAGTTCCAGGTGTAACTCTTCTCTGTTGCAGCTTTGTAAGTATGAG
TGTATCTTGTGTTTAATTAAGGTATATTTGTAGCTTTTGAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 276, Asparagus officinalis – proteína

MDQPDLSQVGPVGLTQLSPLQIQQIQAQIQLNHQHQLMVSRTLQARNYHNTLGVKPQPMKLQASVAAP
QSKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDYARLNFPNLKH
THLAGNPLHSSVDAKLEAICQTLESPGKKKVSTGSKPEPVVSSPTVETEEESSSSSSVTGATNSPVSE
IESLDFNEVPWDETEDFVLRKYPSYEIDWDSILSSA

SEQ ID NO 277, Aloe vera - DNA

AAATCCAATCTTTCGACCGCCGACCTGAGCCAGCTGTGCCCGATAGGTTTGAATCACCTGAGCTCGCT
CCAGATCCAACAAATTCAAGCCCAGATCCAGCTCAACCAGCAGCAGCAGCTCATGATATCGAGAGCCA
TGCAAGCAAGGAACTATAACCTCGGGGTGAGATCTCAGCCCATGAAGCTCGCCGCCGCTGCAGCGCCG
CCTCAGCCGAAGCCGACGAAGCTCTACAGGGGCGTGAGGCAGCGGCACTGGGGCAAGTGGGTGGCCGA
GATCAGACTACCGAAGAACAGGACAAGGCTCTGGCTCGGCACTTTTGACACAGCCGAGGAGGCCGCCT
TGGCCTACGACAAGGCCGCCTACAAGCTGAGGGGGGACTACGCCAGGCTCAACTTCCCCCACCTGAAG
CACACCGGTGCCCACCTGGCTCCCGGCGGCCCCCTGCACTCCTCTGTGGACGCCAAGCTGCAGGCCAT
CTGCCAGAGCTTGGAGCAGAATAAGAGCTCAAACTCAAACTCATCAAAGAAAGAGAAGAGGGGGGATG
CAGTAGAAGAAAAATCTGACAAGGTGGTGGTTGTTGTTGCCGAGGGCGAG

FIGURA 29 (Cont.)

GAGTCTTGCTCATCTTCTTCGATGAACACGGGGAGTGCGAGCTCGCCATCGTCGGAGATAGAGAGCCT
GGACTTCACGGAGGTGCCATGGGATGAGTCTGAGGACTTTGTGCTGAGGAAATACCCTTCATGGGAGA
TTGATTGGGATGCTATACTGTCTTAATGTTTTGGTAGTCGTTGTGTTTTGTGGTTTGTTTCTAGGGTT
TTTAGTCGTTGGTGGCTGGTTGCAAATGGAGTTTTTGGCATTTGCACAGCCTTTTAGAGCTCAAGGTC
TTTGCTGGTTATTTTTTCTTGGCAAAGGACTGGGTGGGGGGAGTAGTTCTGTTTCAGATTTCAGGTTG
TTGTTATTGTCATCTTTGTAGTAGCTTTGTATTATAATCAGTTTATTTGTGTTCCAGTTCTTAAAAAA
AAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 278, Aloe vera - proteína

MISRAMQARNYNLGVRSQPMKLAAAAAPPQPKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDT
AEEAALAYDKAAYKLRGDYARLNFPHLKHTGAHLAPGGPLHSSVDAKLQAICQSLEQNKSSNSNSSKK
EKRGDAVEEKSDKVVVVVAEGEESCSSSSMNTGSASSPSSEIESLDFTEVPWDESEDFVLRKYPSWEI
DWDAILS

SEQ ID NO 279, Gossypium hirsutum - DNA

ACCTCTTTTAATCCGTTCTGGATTTAGGACCTGTTCTTCAAGTTTTGGTAAGAAACAGGTTAATTTTT
TATTAAAATTTGGTCCTCATCTTATTTCTAGTTTTAGTGTAATGGCAGCTGCAATGGATTTCATTAGT
ATTGGAGTAGATCAATCAGATCTATATGGGGGAGAATTGATGGAAGCTCTCGAACCTTTTATGAAAAG
TGTTTCCTCCTCTTCCCCTTCCCCTTCCCCTTCCCCTTCCCCTTCTTCTCTTCCTTCTACTTCTTACC
TTTCTTTCTCTTCTTCCGAAACACAACCTAATTTTTACCCAGATAGCTGTTGTTACCCTTACCCTACA
CCAATGGACTCAGTATCATGTCCCCAACAGCCTCAAACTGGTTCAACAATTGGGCTAAATAGCTTGAC
ACAAGCTCAGATCCATCAGATCCAGCTTCAATTCCACCTCCACAACAACCAACCAAGCTACCTTTGCC
AAAGTCCCCAACCCAACACCATCAGCGCCAATAGTAACCCGATGGTTAGCTTTCTTTGCCCTAAACCT
GTCCCAATGAAACACGTGGGTGCGCCATCCAAACCCACCAAACTTTACAGAGGAGTTAGGCAACGCCA
CTGGGGAAAATGGGTCGCTGAGATCCGGTTACCTAGAAACCGGACACGTCTTTGGTTAGGCACTTTTG
ACACTGCTGAGGAAGCAGCCTTGGCTTATGACAAAGCAGCTTATAAACTAAGAGGTGACTTTGCGAGA
CTCAACTTCCCTAACCTTCGTCACCACGGTTCCCACGTAGGTGACTACAAGCCTTTGCCTTCCTCTGT
TGACGCTAAGCTTCAAGCCATTTGTGAGAGCTTGGTACAAAACCCTAAGCAAGGGAGCAAGAAGAAAT
CATCCAAGGTTACGGCAGACACCAAAAGCAGGAACAACAAAAAATCCGACATGGCAGAGCCAAAGCCC
GAGGAGAATACAGCGAAAGTGGAGAACTCCTCATCTTTGTCTACGGTTCAATCCGAGAGTGAGGGTTC
GGCTGTATCTTCACCTTTATCAGATCTTACATTCTCGGATTTCGACGAACAACCATGGCCGGAAGTCG
TTTCTTCTTCGGAAACTTTTATGTTGTCCAAGTACCCTTCAGAGATCGATTGGGATTCCATTCTAAAA
GCCTGAAGGGAAAAACCCAAGTTTCGTTTTCTGTGTAACAGTCTTTTGTTGTTTAGGAGTTTCCTTTC
GTGTATTTTTTTTTGTAAAGCTAGCTGCAATGGAGTTTTTGGCAGTTGCAGTGGCATGTATTTTAGGT
TATTAAGAGTCTGTTAATGAGTGTAAGTGCTTGTGTTCATAAGAATTTGTGATTTTCTCCATGCTGGT
CAGCTCGTTTTTTTACTTGCTGAACCAAAAGGTGAAATTTGTTAGTGTCTATAAAAAAAGTTTATAGC
TTTTGTATTTTGTACGAATTAAATGTTATTTATGTTGTTGTATTCTCTGGTATCGTGTTTTCTTC

SEQ ID NO 280, Gossypium hirsutum - proteína

MAAAMDFISIGVDQSDLYGGELMEALEPFMKSVSSSSPSPSPSPSSLPSTSYLSFSSSETQPNFYP
DSCCYPYPTPMDSVSCPQQPQTGSTIGLNSLTQAQIHQIQLQFHLHNNQPSYLCQSPQPNTISANSNP
MVSFLCPKPVPMKHVGAPSKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAA
YKLRGDFARLNFPNLRHHGSHVGDYKPLPSSVDAKLQAICESLVQNPKQGSKKKSSKVTADTKSRNNK
KSDMAEPKPEENTAKVENSSSLSTVQSESEGSAVSSPLSDLTFSDFDEQPWPEVVSSSETFMLSKYPS
EIDWDSILKA

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 281, Arabidopsis thaliana - DNA

ATGAATTTGTACACTTGTAGCAGATCGTTTCAAGACTCTGGTGGTGAACTCATGGACGCGCTTGTACC
TTTTATCAAAAGCGTTTCCGATTCTCCTTCTTCTTCTTCTGCAGCGTCTGCGTCTGCGTTTCTTCACC
CCTCTGCGTTTTCTCTCCCTCCTCTCCCCGGTTATTACCCGGATTCAACGTTCTTGACCCAACCGTTT
TCATACGGGTCGGATCTTCAACAAACCGGGTCATTAATCGGACTCAACAACCTCTCTTCTTCTCAGAT
CCACCAGATCCAGTCTCAGATCCATCATCCTCTTCCTCCGACGCATCACAACAACAACAACTCTTTCT
CGAATCTTCTCAGCCCAAAGCCGTTACTGATGAAGCAATCTGGAGTCGCTGGATCTTGTTTCGCTTAC
GGTTCAGGTGTTCCTTCGAAGCCGACGAAGCTTTACAGAGGTGTGAGGCAACGTCACTGGGGAAAATG
GGTGGCTGAGATCCGTTTGCCGAGAAATCGGACTCGTCTCTGGCTTGGGACTTTTGACACGGCGGAGG
AAGCTGCGTTGGCCTATGATAAGGCGGCGTACAAGCTGCGCGGCGATTTCGCCCGGCTTAACTTCCCT
AACCTACGTCATAACGGATCTCACATCGGAGGCGATTTCGGTGAATATAAACCTCTTCACTCCTCAGT
CGACGCTAAGCTTGAAGCTATTTGTAAAAGCATGGCGGAGACTCAGAAACAGGACAAATCGACGAAAT
CATCGAAGAAACGTGAGAAGAAGGTTTCGTCGCCAGATCTATCGGAGAAAGTGAAGGCGGAGGAGAAT
TCGGTTTCGATCGGTGGATCTCCACCGGTGACGGAGTTTGAAGAGTCCACCGCTGGATCTTCGCCGTT
GTCGGACTTGACGTTCGCTGACCCGGAGGAGCCGCCGCAGTGGAACGAGACGTTCTCGTTGGAGAAGT
ATCCGTCGTACGAGATCGATTGGGATTCGATTCTAGCTTAG

SEQ ID NO 282, Arabidopsis thaliana - proteína

MNLYTCSRSFQDSGGELMDALVPFIKSVSDSPSSSSAASASAFLHPSAFSLPPLPGYYPDSTFLTQPF
SYGSDLQQTGSLIGLNNLSSSQIHQIQSQIHHPLPPTHHNNNNSFSNLLSPKPLLMKQSGVAGSCFAY
GSGVPSKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFP
NLRHNGSHIGGDFGEYKPLHSSVDAKLEAICKSMAETQKQDKSTKSSKKREKKVSSPDLSEKVKAEEN
SVSIGGSPPVTEFEESTAGSSPLSDLTFADPEEPPQWNETFSLEKYPSYEIDWDSILA

SEQ ID NO 283, Arabidopsis thaliana – DNA

ATCGGTGAGGTTGAGAGTAATTCACTACACACACACAAAAAATAAATTGAGTGCCTCCCCCAAAAACA
AAATTGGTAGATAACGAGCAATTGTTTTTTTTCAGATTTGATCCTGAATTTTTACATTTTTTTTTTTG
CAATCTCCCCCTAATCTGTTGTTTCTCGCTTCTTCTTCTGTTAATCATCTGTCTTTCAAAAAGAAAGA
AAAAAGAAAAATTCGATTTCTGGGTTTGTTTTTGTCATACAGAAAAAAATCAAGCTTATGAATTTGTG
TTTAATTTTTTGTTTTAATTTGAAAGGCAGGTTTTTTCAGAACGAGATCGTTTTTTCAAATTTCTTCT
GATTTTACCTCTTTTTTTCTTCTTAGATTTTAGTGAATCGAGGGTGAAATTTTTGATTCCCTCTTTTC
GGATCTACACAGAGGTTGCTTATTTCAAACCTTTTAGATCCATTTTTTTTTAATTTTCTCGGAAAAAT
CCCTGTTTCTTTACTTTTTTATAAGTCTCAGGTTCAATTTTTTCGGATTCAAATTTTTATTTTAAATG
GCAGCTGCTATGAATTTGTACACTTGTAGCAGATCGTTTCAAGACTCTGGTGGTGAACTCATGGACGC
GCTTGTACCTTTTATCAAAAGCGTTTCCGATTCTCCTTCTTCTTCTTCTGCAGCGTCTGCGTCTGCGT
TTCTTCACCCCTCTGCGTTTTCTCTCCCTCCTCTCCCCGGTTATTACCCGGATTCAACGTTCTTGACC
CAACCGTTTTCATACGGGTCGGATCTTCAACAAACCGGGTCATTAATCGGACTCAACAACCTCTCTTC
TTCTCAGATCCACCAGATCCAGTCTCAGATCCATCATCCTCTTCCTCCGACGCATCACAACAACAACA
ACTCTTTCTCGAATCTTCTCAGCCCAAAGCCGTTACTGATGAAGCAATCTGGAGTCGCTGGATCTTGT
TTCGCTTACGGTTCAGGTGTTCCTTCGAAGCCGACGAAGCTTTACAGAGGTGTGAGGCAACGTCACTG
GGGAAAATGGGTGGCTGAGATCCGTTTGCCGAGAAATCGGACTCGTCTCTGGCTTGGGACTTTTGACA
CGGCGGAGGAAGCTGCGTTGGCCTATGATAAGGCGGCGTACAAGCTGCGCGGCGATTTCGCCCGGCTT
AACTTCCCTAACCTACGTCATAACGGATCTCACATCGGAGGCGATTTCGGTGAATATAAACCTCTTCA
CTCCTCAGTCGACGCTAAGCTTGAAGCTAT

FIGURA 29 (Cont.)

TTGTAAAAGCATGGCGGAGACTCAGAAACAGGACAAATCGACGAAATCATCGAAGAAACGTGAGAAGA
AGGTTTCGTCGCCAGATCTATCGGAGAAAGTGAAGGCGGAGGAGAATTCGGTTTCGATCGGTGGATCT
CCACCGGTGACGGAGTTTGAAGAGTCCACCGCTGGATCTTCGCCGTTGTCGGACTTGACGTTCGCTGA
CCCGGAGGAGCCGCCGCAGTGGAACGAGACGTTCTCGTTGGAGAAGTATCCGTCGTACGAGATCGATT
GGGATTCGATTCTAGCTTAGGGGCAAAATAGGAAATTCAGCCGCTTGCAATGGAGTTTTTGTGAAATT
GCATGACTGGCCCAAGAGTAATTAATTAAATATGGATTAGTGTTAAATTTCGTATGTTAATATTTGTA
TTATGGTTTGTATTAGTCTCTCTGTGTCGGTCCAGCTTGCGGTTTTTTGTCAGGCTCGACCATGCCAC
AGTTTTCATTTTATGTAATCTTTTTTTCTTTTGTCTTATGTAATTTGTAGCTTCAGTTTCTTCATCTA
TAATGCAATTTTATTATGATTATGTAA

SEQ ID NO 284, Arabidopsis thaliana - proteína

MAAAMNLYTCSRSFQDSGGELMDALVPFIKSVSDSPSSSSAASASAFLHPSAFSLPPLPGYYPDSTFL
TQPFSYGSDLQQTGSLIGLNNLSSSQIHQIQSQIHHPLPPTHHNNNNSFSNLLSPKPLLMKQSGVAGS
CFAYGSGVPSKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFAR
LNFPNLRHNGSHIGGDFGEYKPLHSSVDAKLEAICKSMAETQKQDKSTKSSKKREKKVSSPDLSEKVK
AEENSVSIGGSPPVTEFEESTAGSSPLSDLTFADPEEPPQWNETFSLEKYPSYEIDWDSILA

SEQ ID NO 285, Arabidopsis thaliana - DNA

AAAAAACAAATATTTAGAAACAAAAAATGCTATAATTCTTCCTTTTTCTTGTTCTTTCAGAGATTTTG
ATTTCTATTCAATCGACTAAGAGGGTGTGTTTTTAATCCCTCTCTGTTTTAATTTTGTTTCCTAGTCT
TTAAAGATCCATGGCAGCCATAGATATGTTCAATAGCAACACAGATCCTTTTCAAGAAGAGCTCATGA
AAGCACTTCAACCTTATACCACCAACACTGATTCTTCTTCTCCTACGTATTCAAACACAGTCTTCGGT
TTCAATCAAACCACATCTCTCGGTCTAAACCAGCTCACACCTTACCAAATCCACCAAATCCAAAACCA
GCTTAACCAGAGACGTAACATAATCTCTCCAAATCTAGCCCCAAAGCCTGTCCCAATGAAGAACATGA
CCGCTCAGAAACTCTATAGAGGAGTTAGACAAAGGCACTGGGGAAAATGGGTAGCTGAGATCCGTTTA
CCCAAGAACCGGACCCGACTCTGGCTTGGAACTTTCGACACAGCTGAAGAAGCAGCCATGGCTTATGA
CCTAGCTGCTTACAAGCTAAGAGGCGAGTTCGCGAGACTTAATTTCCCACAGTTCAGACACGAGGATG
GATACTACGGAGGAGGTAGCTGTTTCAATCCTCTTCATTCCTCTGTCGACGCAAAGCTCCAAGAGATT
TGTCAGAGCTTGAGAAAAACAGAGGATATTGACCTCCCCTGTTCTGAAACAGAGCTTTTCCCGCCAAA
AACAGAGTATCAAGAAAGTGAATATGGGTTCTTGAGATCTGATGAGAATTCGTTTTCAGATGAGTCTC
ATGTGGAATCTTCTTCGCCGGAATCTGGTATTACTACGTTCTTGGACTTTTCGGATTCTGGATTTGAT
GAGATTGGGAGTTTCGGGCTGGAGAAGTTTCCTTCTGTGGAGATTGATTGGGATGCGATTAGCAAATT
GTCCGAATCTTAAACAAAGCAAAGAGAAGACTTTTTCTTTTAGGAGTTTGTCTTTCAATTTCAGTGTC
TTATATTAATCTCTCTGCAACTGAAATTTTTAACAGTTGCGGAGAGAATCGTCTCTAGGGTTTGTTTC
TCTTCCTCCATGTTTTGGTCTGACTGGTTAATGTCTTTTTTTTTTTTTTGAACTTTCAAAAACCTTTG
TCATTGACCAATCGGAGAAGTTTCCATGTATTCTCTCATCTTTAAATTTCTAATGAAGAATGTAAATT

SEQ ID NO 286, Arabidopsis thaliana - proteína

MAAIDMFNSNTDPFQEELMKALQPYTTNTDSSSPTYSNTVFGFNQTTSLGLNQLTPYQIHQIQNQLNQ
RRNIISPNLAPKPVPMKNMTAQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAAMAYDLAA
YKLRGEFARLNFPQFRHEDGYYGGGSCFNPLHSSVDAKLQEICQSLRKTEDIDLPCSETELFPPKTEY
QESEYGFLRSDENSFSDESHVESSSPESGITTFLDFSDSGFDEIGSFGLEKFPSVEIDWDAISKLSES

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 287, Oryza sativa - DNA

ATGGATCGCCAATGGCGTTGCCTCGCTGCTGCGGCTTCTACTAGTGGTAATAGTAAGCTTCCTCCGCT
GCCGATGGCGCTGGGCGGCGCCGTGGAGTACGGGCAGCTCGTCCATGGCGCGGCGGCGCCCGTGGCGC
CGTTCTTCGTGGACGCCGAGCAGCAGAGCCTGTCGCCGGCGACGGCCATGGTTCTTGGCGCCGGGTGG
TATAACTATAACCTTGTCACGCCGTCGCAGGCGGCGCAGCTGCACCACCGGCTGCGACGGGCGGTGGG
CGCGGCGCCGTGCTCGATGAAGCGGTGCGGTGGCATGGCGGCGGCGGCGGCGGGGCGGCTTGCGCTGG
TGGGGCCGGCGCCGGTGCAGGCGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCACTGGGGGAAATGGGTG
GCGGAGATCCGGCTGCCGCGGAACCGGACGCGGCTGTGGCTGGGCACGTACGACACCGCCGAGGACGC
CGCGCTCGCCTACGACGGTGCCGCGTTCCGGCTGCGCGGCGACGCCGCCCGCCTCAACTTCCCCGAGC
TCCGGCGCGGAGGGCGGCACCACGCGCCGGCGCTCAGCGCGTCCGTCGACGCCAAGATCCTCCAAGCC
ACCACCACCACCACGGCGGACACCGCCGCCGCCGCAGCACCGGCGTCGACGAACACCACGCCGCCGCC
GTCGCCGCGCGTCGTCAAGACCGAGCCGGGCTGCTGCTCCGTCTCCGAAGCCTCCACGACGACGACGG
CCGACGCCGCCGACGTCTCGTCCACAGGGTCTTCCCCATCCCCGACCTCATCGAATCAGGCCGCCACC
GCCACGCCGCCGGCGCCGCGGCCGCCGCCGCCGTTGCCGGAGACGATTCAGCAGCTGGACTTCACGGA
GGCGCCATGGGACGAGGCCGACGGCTTCGCGCTGCGCCGGTATCCGTCGTGGGAGATCGACTGGGACG
CCATCCTCTCCTGA

SEQ ID NO 288, Oryza sativa - proteína

MDRQWRCLAAAASTSGNSKLPPLPMALGGAVEYGQLVHGAAAPVAPFFVDAEQQSLSPATAMVLGAGW
YNYNLVTPSQAAQLHHRLRRAVGAAPCSMKRCGGMAAAAAGRLALVGPAPVQAKLYRGVRQRHWGKWV
AEIRLPRNRTRLWLGTYDTAEDAALAYDGAAFRLRGDAARLNFPELRRGGRHHAPALSASVDAKILQA
TTTTTADTAAAAAPASTNTTPPPSPRVVKTEPGCCSVSEASTTTTADAADVSSTGSSPSPTSSNQAAT
ATPPAPRPPPPLPETIQQLDFTEAPWDEADGFALRRYPSWEIDWDAILS

SEQ ID NO 289, Broussonetia papyrifera - DNA

CACCACACCAGTTTTCTCTGATCCCTTTAGAGAAGAGCTCATGAAAGCACTTGAACCTTTTATGAAAA
GTGCTCATAATAATATCAACAACAACATTTCACCAATCTCTTCTTCTTCCTCTTCTTCTTACCTTTCT
AGTGAGCCCAACTTTTACCCTGAATCTGAAACTTGCTCACCTTCAACTACCCAAATGTTTTCCAGTGG
GTTGTTCTCCAGCTTTAACCACATGGGTTCTGAGCAGACTGGTTCTTTAGGCTTAAACCAGCTCACCC
AATCCCAGATTCTCCAAATTCAAGCCCAAATCTACTTCCAACAACAACAGCAACAGCAACAAAATCTA
CTCATGACCACCATAACTCCGCCCCAAAACAGCCTCAACTACCTCGGTCCGAGGGCGGTTCCGATGAA
GAACGTCGGCGCCAATTCAAAGCCCAACAAACTCTACAGAGGAGTGAGGCAGAGGCATTGGGGCAAAT
GGGTCGCCGAGATCAGACTCCCCAAGAACCGGACCCGCCTCTGGCTGGGCACCTTCGACACCGCCGAG
GAAGCCGCCTTGGCCTACGACAAGGCGGCGTACAAGCTCCGCGGGGACTTCGCCCGCCTCAACTTCCC
CCACCTCCGCCACGAAGGCGCCCACGTCTCTGGCGAGTTCGGCGAGTACAAGCCCCTCCATTCCTCCG
TCGACGCCAAGCTTCAGGCGATTTGCCAAAGCCTGGCGAATTCGCAGAAGCAGGGGAGTGCCAAGGAG
GCTTGTTCCGAGCCGGAGGTGAAGCCAGTCATCGAGCCCAAGATGGCGTCCGATAATTCTCCGAAAGG
CGAATTGGAGGTGTCGTCTTCGTCGTTGTCGTCGTCGTCGTCGTTGTCGTTGTCGTTGTCGTTGTCGT
CGCCGTTGTCGGATGAGTCTTCGGCGGGGTCATCCTCGCCGGAGTCCGATGTCACGTTGTTGGACTTC
TCGGATTCTCATTGGGATGGGAATGAGAATTTTGGGCTAGGGAAGTACCCTTCAGTGGAGATCGACTG
GGATGCTCTGTGATCGTAATAAATGTTGGTTATGTTGTCATTTTCTCTTTTTTATTTTTCCTGCGTTA
TTAGTTGTTTTTAAGGTTTTTTTTTTTAGTTGTACAAGCACGGCTTCTGCGATGGAATTTTTAACATG
GCAGGGGTTTAGCTCAGTTTTTTAAATTTAGG

FIGURA 29 (Cont.)

AAGGGTCAGTAAGTCAGTCAGTCAGTCAGATGTTTTTATGTTGTAATATTTGATGTCGTTTGATATCT
CCTATGTTGGTCAGCTGGTAGTTTTTTTCCTTGCTAGGCCTGGCCATGGGAGATCTCTCTGGGTTGTA
TTTACTACTTTTTGAATGTAATTAGGCAAGTCTACTTTATATAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 290, Broussonetia papyrifera - proteína

MKALEPFMKSAHNNINNNISPISSSSSSSYLSSEPNFYPESETCSPSTTQMFSSGLFSSFNHMGSEQT
GSLGLNQLTQSQILQIQAQIYFQQQQQQQQNLLMTTITPPQNSLNYLGPRAVPMKNVGANSKPNKLYR
GVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFPHLRHEGAHVSGEF
GEYKPLHSSVDAKLQAICQSLANSQKQGSAKEACSEPEVKPVIEPKMASDNSPKGELEVSSSSLSSSS
SLSLSLSLSSPLSDESSAGSSSPESDVTLLDFSDSHWDGNENFGLGKYPSVEIDWDAL

SEQ ID NO 291, Jatropha curcas - DNA

GGACTCAGATAGTTGCTCCACATCGACTGCCCTTCCATTTTCAAATGGGTTCTCGATCCAAGACCCCA
ACCGTCTTCAGCAACCTACTTGTTCAATCGGGCTATGTCTTACTCCAACCCAGATCCACCAGATCCAG
ACCCAAATCCATTACCAGAATCAAAATGGATTCAATTTCCAGAATTTCCACACCCAAAACCAACATGG
CTTAACTTTTTAGGTCCGAAACCCGTGCCCATGAAGCAGGTGGGTTCACCACCAAAACCCACTAAGCT
CTACAGAGGAGTAAGGCAGCGACATTGGGGCAAATGGGTTGCCGAGATCCGACTACCCAAGAACCGTA
CACGACTCTGGCTTGGTACTTTTGACACAGCAGAAGAAGCCGCTTTAGCTTATGACAAAGCGGCGTAC
AAACTCCGTGGCGACTTCGCGAGACTTAACTTCCCTAACCTCCGCCACCAAGGGTCCCACATTGAAGG
CAGCTTCGGCGAGTATAAGCCTCTCCATTCCTCGGTCGATGCGAAACTGCAAGCTATTTGTCAAAGCT
TAGCAGAATCGCAGAAACAAGGAGGAAAAGCAGAGAAGCAATCAAACTCGTCAGCGAAAAAGAAGACT
TCGGTGGGGACTACTCCAGCGACGGCGGAGAAGGTTAAGGAAGCTAAGGCACCGCAACAGGTTGTTCC
GGACAAGTGTTGCAAGGTCGAGACACCATCGTCAGTGTTGACAGAAAGTGAAGCCTCTGGCGGATCTT
CACCGTTGTCGGATCTTACGTTTCCGGATCTAGAAGAGGCACCATTGGATGTTGATTCTGGAAATTTT
AATTTGGAGAAGTACCCATCTTATGAAATTGATTGGGCTTCTCTTTTATCTTCTTAGATTTGGTTATG
TTATGTTATTTATCTTTTATCTTTATTTTGCAGTTATGTTTAGTTCTTAGGCGTGTGGTTGCTGCAAT
GAGTTTTTGGCAGTTGCAGAGCCAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 292, Jatropha curcas - proteína

MSYSNPDPPDPDPNPLPESKWIQFPEFPHPKPTWLNFLGPKPVPMKQVGSPPKPTKLYRGVRQRHWGK
WVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFPNLRHQGSHIEGSFGEYKPLHSS
VDAKLQAICQSLAESQKQGGKAEKQSNSSAKKKTSVGTTPATAEKVKEAKAPQQVVPDKCCKVETPSS
VLTESEASGGSSPLSDLTFPDLEEAPLDVDSGNFNLEKYPSYEIDWASLLSS

SEQ ID NO 293, Arabidopsis thaliana - DNA

TCTTCCTCCGACGCATCACAACAACAACAACTCTTTCTCGAATCTTCTCAGCCCAAAGCCGTTACTGA
TGAAGCAATCTGGAGTCGCTGGATCTTGTTTCGCTTACGGTTCAGGTGTTCCTTCGAAGCCGACGAAG
CTTTACAGAGGTGTGAGGCAACGTCACTGGGGAAAATGGGTGGCTGAGATCCGTTTGCCGAGAAATCG
GACTCGTCTCTGGCTTGGGACTTTTGACACGGCGGAGGAAGCTGCGTTGGCCTATGATAAGGCGGCGT
ACAAGCTGCGCGGCGATTTCGCCCGGCTTAACTTCCCTAACCTACGTCATAACGGATTTCACATCGGA
GGCGATTTCGGTGAATATAAACCTCTTCACTCCTCAGTCGACGCTAAGCTTGAAGCTATTTGTAAAAG
CATGGCGGAGACTCAGAAACAGGACAAATCGACGAAATCATCGAAGAAACGTGAGAAGAAGGTTTCGT
CGCCAGATCTATCGGAGAAAGTGAAGGCGGAGGAGAATTCGGTTTCGATCGG

FIGURA 29 (Cont.)

TGGATCTCCACCGGTGACGGAGTTTGAAGAGTCCACCGCTGGATCTTCGCCGTTGTCGGACTTGACGT
TCGCTGACCCGGAGGAGCCGCCGCAGTGGAACGAGACGTTCTCGTTGGAGAAGTATCCGTCGTACGAG
ATCGATTGGGATTCGATTCTAGCTTAGGGGCAAAATAGGAAATTCAGCCGCTTGCAATGGAGTTTTTG
TGAAATTGCATGACTGGCCCAAGAGTAATTAATTAAATATGGATTAGTGTTAAATTTCGTATGTTAAT
ATTTGTATTATGGTTTGTATTAGTCTCTCTGTGTCGGTCCAGCTTGCGGTTTTTTGTCAGGCTCGACC
ATGCCACAGTTTTCATTTTATGTAATCTTTTTTTCTTTTGTCTTATGTAATTTGTAGCTTCAGTTTCT
TCATCTATAATGCAATTTTATTATGATTATGTG

SEQ ID NO 294, Arabidopsis thaliana - proteína

LPPTHHNNNNSFSNLLSPKPLLMKQSGVAGSCFAYGSGVPSKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNR
TRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFPNLRHNGFHIGGDFGEYKPLHSSVDAKLEAICKS
MAETQKQDKSTKSSKKREKKVSSPDLSEKVKAEENSVSIGGSPPVTEFEESTAGSSPLSDLTFADPEE
PPQWNETFSLEKYPSYEIDWDSILA

SEQ ID NO 295, Oryza sativa - DNA

CTTGGTTAGGTTGCTTGCAGAGAGCGAGAGACCCAGGGCCTTTTAGATCCAGGGCTCCCAGATCTGCT
GTTTTTCTTTCATCTTCTTTGTGTTCTAGTGTTAGGTTGGTAGCCAAGAGGGGTTCTTTTTCCACACC
TCACTTGCTAGATCTACCACCAAAAAGCCATCTGTTTTTTTACTGTGGCTGTCGATTTCTCCCTCCTT
CCTGCCTGTTCTTGATTTTGGATTCGGAACCAGGCAAATCTTTGTTACTACTGTTTTAGTATCAGAAA
AAAAAATCCCAAAAAAAAGAGTGAGTAGATGGCTGCAGCTATAGATCTGTCAGGGGAGGAGCTGATGA
GAGCACTCGAGCCTTTTATCCGAGATGCCTCCGGCTCGCCTCCGGTTTGTTCCCAGTTTAGTCCCACC
TCGCCATTCTCCTTCCCGCACGCGTTCGCGTACGGTGGCGGGCTGGCCCAGCAGCCAGAGCTCAGCCC
GGCCCAGATGCACTACATCCAGGCCCGCCTCCACCTCCAGCGGCAGGCGGCGCAGGCCGGCCCGCTCG
GCCCGCGCGCGCAGCCGATGAAGGCGTCGTCGTCGTCGGCTTCGGCGGCGGGGGCGGCGGCGACGCCG
CCGCGGCCGCAGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCACTGGGGGAAGTGGGTGGCGGAGATCCG
CCTCCCGCGGAACCGCACGCGGCTCTGGCTCGGCACCTTCGACACAGCCGAGGAGGCGGCGCTTGCCT
ACGACCAGGCGGCGTACCGCCTCCGCGGCGACGCGGCGCGGCTCAACTTCCCCGACAACGCCGCCTCC
CGCGGCCCGCTCCACGCCTCCGTCGACGCCAAGCTCCAGACGCTCTGCCAGAACATCGCCGCCGCCAA
GAACGCCAAGAAGTCCTCTGTCTCCGCCTCCGCCGCCGCAACATCCTCCGCGCCCACCAGCAACTGCT
CGTCGCCGTCCTCCGACGACGCGTCGTCCTGCCTGGAGTCCGCCGACTCGTCGCCCTCCCTGTCGCCG
TCCTCCGCCGCCACCACGGCCGAGACGCCGGCGACCGTGCCGGAGATGCAGCAGCTCGACTTCAGCGA
GGCGCCGTGGGACGAGGCCGCCGCCTTCGCCCTCACCAAGTACCCGTCCTACGAGATCGACTGGGACT
CCCTCCTCGCCGCCAATTAACACCACCACCACTTCTTGGCTAGTACTCACGCCGTCGTTAGCCTAATC
GTCGCCGCCGCCGCCGCCGTGCAGATGGGATTTTAGACATTCTGCACCGCACGGACGGGCATGGATTA
GCAGTTTTATAGTCCCTAATCCTTTTGGTTTGGTTCGTTTGTGTACGTAGATCGATCTCTCTCCGGAC
TTGTTTCCTCTGTAGATGCTAGGGTTGGTTGGTGTTCTTCCTCAACC

SEQ ID NO 296, Oryza sativa - proteína

MAAAIDLSGEELMRALEPFIRDASGSPPVCSQFSPTSPFSFPHAFAYGGGLAQQPELSPAQMHYIQAR
LHLQRQAAQAGPLGPRAQPMKASSSSASAAGAAATPPRPQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLW
LGTFDTAEEAALAYDQAAYRLRGDAARLNFPDNAASRGPLHASVDAKLQTLCQNIAAAKNAKKSSVSA
SAAATSSAPTSNCSSPSSDDASSCLESADSSPSLSPSSAATTAETPATVPEMQQLDFSEAPWDEAAAF
ALTKYPSYEIDWDSLLAAN

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 297, Oryza sativa - DNA

AACCCAAACGACGGAGACCCACTACTCCGAGCCATCAAGAACACACACACATCCAGAAAGCCTAATCC
AATCCAAAAGCCCTAATCACCCAGACTCCATCTCTGTGAGGTTTGAGAGAGGTAGGTGAGCCGTAGAT
CTGAGCGAGTTCTTGGGTCTTCCAGCAGGTAGATCACTTCATCTGAGGATCAATCTTTTTTTTTTCC
TTTGTTTTTGAGCTTCTGTTGGTGTACAGGACAGAGAGTTCCAGAGCCTTTTAGTTTCTGGTGTTCTG
ATCTGTTCTTGGTGTAAGATTATTGGTCTGATTTGGTAGCCAAGAGGGTTAATTTTTTCCACACCTCC
TTGTGCTAGTTAGCTTAGCTTATACCCCCCTTGTAAAGTGATTAGTAGATCTAGAACTTCTCTTTTCG
TCTGCCAGTTCTTGGATTTTGGAAAGAACAGGTGGTTTGTTATTCAGATTTTTAGGTTAGAAAAAATC
CACAAAAAAAAAAGATATTCGATGGCAGCTGCTATAGAAGGAAATCTGATGCGGGCGCTGGGAGAGGCT
CCGTCGCCGCAGATGCAGAAGATCGCGCCGCCGCCGTTTCATCCCGGCTTGCCGCCGGCGCCGGCGAA
CTTCTCCTCGGCCGGAGTCCACGGGTTCCACTACATGGGCCCGGCCCAGCTCAGCCCGGCCCAGATCC
AGCGCGTCCAGGCCCAACTCCACATGCAGCGGCAGGCCCAGTCGGGGCTCGGCCCGCGGGCCCAGCCC
ATGAAGCCCGCTTCGGCGGCTGCTCCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCAGAAGCTGTACCGCGGCGT
GCGGCAGCGGCACTGGGGCAAGTGGGTGGCGGAGATCCGGCTGCCGCGCAACCGCACCAGGCTCTGGC
TCGGCACCTTCGACACCGCCGAGGAGGCGGCGCTCACCTACGACCAGGCCGCGTACCGCCTCCGCGGC
GACGCGGCGCGGCTCAACTTCCCGGACAACGCCGCGTCGCGGGGCCCGCTCGACGCCGCCGTGGACGC
CAAGCTCCAGGCCATCTGCGACACCATCGCCGCGTCCAAGAACGCCTCATCCAGGTCCAGGGGCGGCG
CCGGCAGGGCCATGCCCATCAACGCGCCCCTGGTCGCCGCGGCGTCGTCGTCCTCCGGCTCCGACCAC
TCCGGCGGCGGCGACGACGGCGGCTCGGAGACGTCGTCGTCGTCTGCGGCGGCGTCGCCGCTGGCGGA
GATGGAGCAGCTGGACTTCAGCGAGGTGCCGTGGGACGAGGCGGAGGGGTTCGCGCTCACCAAGTACC
CGTCGTACGAGATCGACTGGGACTCGCTGCTCAACAACAATAACTAGCTCTTCTCTTCCATAGCCCGC
CATTGCCGGCCGGCGCAGATGAGGTTTTAGGCATTCTGCGCGGCGGCGAGGCGATGGATTATATGTTC
GTTCTTGTGTAGATCCTTTTCTTTTTGTGTTGGTTTTTTAGGTTCCGGAGGCTGCTCGCCGGCGTCGT
TTTTGTGTCCGGCGTCTCCGATGTCTAGTAAGCAGTGACTCGTTAGTGTAGTAGTTGTACAACTCTAC
AAATGTACAAATACTTGTGCATGTAGGTTGTTGTAATCAATTGTTGGTAACTACCTGTAATAGAACTA
CTGTGAATTAACTGTATTAATGTGC

SEQ ID NO 298, Oryza sativa - proteína

MAAAIEGNLMRALGEAPSPQMQKIAPPPFHPGLPPAPANFSSAGVHGFHYMGPAQLSPAQIQRVQAQL
HMQRQAQSGLGPRAQPMKPASAAAPAAAAARAQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTA
EEAALTYDQAAYRLRGDAARLNFPDNAASRGPLDAAVDAKLQAICDTIAASKNASSRSRGGAGRAMPI
NAPLVAAASSSSGSDHSGGGDDGGSETSSSSAAASPLAEMEQLDFSEVPWDEAEGFALTKYPSYEIDW
DSLLNNNN

SEQ ID NO 299, Lycopersicon esculentum – DNA

GTTTGTTCCACTTCCACAGAGATGAATTCCCAAATCTTTTCAACTGGGTTTTCTGGGTATGGAATGGA
GCAACAGGGTTCAATTGGGCTGAATCAGTTAACCCCAATTCAGATCCAGCAAATTCAAGCTCAAATCA
ACTTTCAAAACCAACAACAACAGCAGCAGCAGCAGATGATGTTACAGACTGCCCATCATGCTTCCACC
ATGAATTTCTTGGCTCCAAAGCCGGTTCCAATGAAGCAATCTGGGTCGCCACCAAAACCCACGAAGCT
CTACAGAGGTGTTAGACAACGCCACTGGGGTAAGTGGGTCGCTGAGATCCGTTTGCCTAAGAACCGAA
CCCGCCTTTGGCTTGGTACATTTGACACCGCTGAAGAAGCTGCTCTGGCTTACGACAAGGCGGCGTAT
ATGCTTCGTGGCGACTTTGCTCGACTGAACTTCCCTCAACTCCGCCACAACGGCAACCTAATCGGCGG
CGACTTTGGTGAATACAATCCATTGCATTCCTCAGTTGATGCTAAGCTAAAGGACATATGCCAAAGCT
TGGCACAGGGGAAGAGCATTGACTCTAAGAAGAAGAAAACCAAAGGGTTG

FIGURA 29 (Cont.)

TCGGCGGAGAAAGCGGCGGTGGTGAAGATGGAGGAAGAGGAGAGCAAAACAGCAGAAGTTGGATCCGA
AAGTGACGGGTCCCATTCCGGTTCCGGTGGATCATCGCCGGTGACCGAACTGATATTCCCGGAGTTCA
CTGAGGAAGAGCCAACTTGGGACATGTCAGAAAATTTTTTGTTGCAGAAGTATCCATCTCATGAAATT
GATTGGGCCTCTCTATAAAATTAGAAAATAATTAAGA

SEQ ID NO 300, Lycopersicon esculentum - proteína

MNSQIFSTGFSGYGMEQQGSIGLNQLTPIQIQQIQAQINFQNQQQQQQQQMMLQTAHHASTMNFLAPK
PVPMKQSGSPPKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYMLRGDFA
RLNFPQLRHNGNLIGGDFGEYNPLHSSVDAKLKDICQSLAQGKSIDSKKKKTKGLSAEKAAVVKMEEE
ESKTAEVGSESDGSHSGSGGSSPVTELIFPEFTEEEPTWDMSENFLLQKYPSHEIDWASL

SEQ ID NO 301, Zea mays - DNA

CACGAGCAATCCCCTTCAACAAACGCACCGCACTCCACGGCAGCCAGAAAACACATCCCACGGGGCCC
AGACCCGGCGACCCACCTGAGCCCGGCGCAGATGCAGTTCATCCAGGCCCAGCTCCACCTGCAGCGGA
ACCCGGGGCTGGGCCCGCGGGCGCAGCCCATGAAGCCCGCCGTCCCAGTGCCGCCGGCGCCGGCGCCG
CAGCGGCCTGTGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGTCACTGGGGCAAGTGGGTGGCCGAGATCCG
GCTCCCCCGGAACCGCACCCGCCTGTGGCTCGGGACCTTCGACACCGCCGAGCAGGCAGCGCTGGCCT
ACGACCAGGCGGCGTACCGCCTCCGCGGGGACGCGGCGCGGCTCAACTTCCCCGACAACGCGGAGTCC
AGGGCGCCGCTCGACCCCGCCGTGGACGCCAAGCTGCAGGCCATCTGCGCCACCATCGCCGCCGCGTC
GTCGTCATCCAAGAATTCCAAGGCCAAGAGCAAGGCGATGCCAATCAACGCGTCCGTTCTGGAAGCGG
CAGCGGCGTCTCCGAGCAACAGCTCCTCCGACGAAGGTTCCGGCTCCGGGTTCGGGTCGGACGACGAG
ATGTCCTCGTCTTCCCCGACGCCGGTGGTGGCGCCGCCGGTGGCGGACATGGGACAGTTGGATTTCAG
CGAGGTTCCGTGGGACGAGGACGAGAGCTTCGTGCTCCGCAAGTACCCGTCCTACGAGATCGACTGGG
ACGCGCTGCTCTCCAACTAGTCGCCCTTCGCCGACAGATGTGCTGTTGTAGTTCAGTAGTGGCAGTAT
CTCTGGCCGCCGCAGATGACGTTTTAGGCAATCTGCAGGCCGCCGGCCCATGTGTATTAAGTAGGTTT
TGCTCAGTTGTTGGCCCCGGACTTCGCCGGCGTTTTTGTGACCGGCGTCCCCGAGTGCACTGCATTGG
TGTACTGGTCTGTCTGTAAAAAAAAATGGATCTGTGTACTTCTATAGTGTGTATTCAACCATTGTTCT
TAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO 302, Zea mays - proteína

MQFIQAQLHLQRNPGLGPRAQPMKPAVPVPPAPAPQRPVKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWL
GTFDTAEQAALAYDQAAYRLRGDAARLNFPDNAESRAPLDPAVDAKLQAICATIAAASSSSKNSKAKS
KAMPINASVLEAAAASPSNSSSDEGSGSGFGSDDEMSSSSPTPVVAPPVADMGQLDFSEVPWDEDESF
VLRKYPSYEIDWDALLSN

SEQ ID NO 303, Oryza sativa - DNA

GGAAAGAACAGGTGGTTTGTTATTCAGATTTTTAGGTTAGAAAAAATCCACAAAAAAAAAAGATATTCG
ATGGCAGCTGCTATAGAAGGAAATCTGATGCGGGCGCTGGGAGAGGCTCCGTCGCCGCAGATGCAGAA
GATCGCGCCGCCGCCGTTTCATCCCGGCTTGCCGCCGGCGCCGGCGAACTTCTCCTCGGCCGGAGTCC
ACGGGTTCCACTACATGGGCCCGGCCCAGCTCAGCCCGGCCCAGATCCAGCGCGTCCAGGCCCAACTC
CACATGCAGCGGCAGGCCCAGTCGGGGCTCGGCCCGCGGGCCCAGCCCATGAAGCCCGCTTCGGCGGC
TGCTCCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCAGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCACTGGGGCA
AGTGGGTGGCGGAGATCCGGCTGCCGCGCAACCACCCCAGGCTCTGGCTCGGCACCTTCGACACCGCC
GAGGAGGCGGCGCTCACCTACGGCCAGGCCGCGTACCGCCTCCGCGGCGACG

FIGURA 29 (Cont.)

CGGCGCGGCTCAACTTCCCGGACAACGCCGCGTCGCGGGGCCCGCTCGACGCCGCCGTGGACGCCAAG
CTCCAGGCCATCTGCGACACCATCGCCGCGTCCAAGAACGCCTCATCCAGGTCCAGGGGCGGCGCCGG
CAGGGCCATGCCCATCAATGCGCCCCTGGTCGCCGCGGCGTCGTCGTCCTCCGGCTCCGACCACTCCG
GCGGCGGCGACGACGGCGGCTCGGAGACGTCGTCGTCGTCTGCGGCGGCGTCGCCGCTGGCGGAGATG
GAGCAGCTGGACTTCAGCGAGGTGCCGTGGGACGAGGCGGAGGGGTTCGCGCTCACCAAGTACCCGTC
GTACGAGATCGACTGGGACTCGCTGCTCAACAACAATAACTAGCTCTTCTCTCCATAG

SEQ ID NO 304, Oryza sativa - proteína

MAAAIEGNLMRALGEAPSPQMQKIAPPPFHPGLPPAPANFSSAGVHGFHYMGPAQLSPAQIQRVQAQL
HMQRQAQSGLGPRAQPMKPASAAAPAAAAARAQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNHPRLWLGTFDTA
EEAALTYGQAAYRLRGDAARLNFPDNAASRGPLDAAVDAKLQAICDTIAASKNASSRSRGGAGRAMPI
NAPLVAAASSSSGSDHSGGGDDGGSETSSSSAAASPLAEMEQLDFSEVPWDEAEGFALTKYPSYEIDW
DSLLNNNN

SEQ ID NO 305, Atriplex hortensis - DNA

AATTTACTTACCCCCAAGCCCAGCCCCAACAAATGAGCTACTCATACCCACCTCCACTTCCTAGTAAT
ACCCTTAACAACTTTCTATCTCCCAAGCCTGTGACCATGAAAACAACTGGTGGGCCGCCCAAGCCCAC
TAAGCTTTATCGTGGGGTTAGGCAACGTCACTGGGGTAAATGGGTTGCTGAGATCCGTTTACCCAAGA
ACAGGACCCGGCTTTGGTTGGGTACCTTTGATACAGCTGAGGAAGCTGCTTTGGCTTACGACAAGGCG
GCTTACAAGCTGAGAGGTGACTTTGCGAGGTTGAATTTTCCTAATCTCCGCCATGAAGGGTCCCACAT
CGGTGGCGAATTCGGCGAATACAAACCCCTTCATTCCTCCGTAAACGCAAAACTCGAAGCCATTTGCG
AGAGTCTAGCCAAACAGGGGAATGAAAAACAGGGGAAATCAGGAAAGTCCAAGAAGAAAGATGTTGCT
AATAATAACAATAATACTTCATCTTCGTCATCTTCAAGCTGTTGTACAACAGCTACTGCTGCGGCCGA
TGCACCGCAGCAGCAGCAGCGGATGCCGGAAAACGGCGGCGATGTAAAAACCGAGAGCACCTCCGATA
GTGAGGTGGGGTCCGGTGGATCGTCGCCGTTGTCGGATTTGACATTCGGAGATAATGAAGAAATGGGA
TCGGAGAATTTCTTGTTGGAGTCATGCCCATCTCATGAGATTGATTGGGATGCTATATTATCATCTGA
ATCTTAATAATTTCATTTGTGGTCTTAAGTATGGGTTAATAAGGAGTATTAATTAAATTAAATTAGGG
AGTTATAAAATGTGTCATCATAATATAAGTCATGTAATGTTGTGTAAATTTTTTCTTTTTTTTTTTTT
AATTTTAATTAAAATTAGTAGGTTGGTAGTGGGTAGTTTCAGGGAGGAGTGATCTCTGCAATGAAGTT
TTTGGAAATTGTAGGGACTCCATATTTGGTCTTCTTTGGTGAGGCAAGTGTTTTTTTGATCTTGCCTT
TGATCAATTGAAGAGTAGTTTTTTTTTCTTATTGTTTATTTTATGTTTATAGTAGAAAAAATTTTAGG
ATTGTAATTTGATGATCATTTTTAGTGAAGTATTATTATTAATATTTTTATTAGTATAAAAAAAAATT
GGACTGTTATCAAGGTAAGTGCTTATTTTGACTTCCATATTTGTATGTTGCTCTCTTTCTTTGATTCT
TTCATATTTCTAGTGAGATCTGAACTATAATTAATATGGATTAAACCTTAAATTACTAGTGGTTTGTG
TAACAGGATATGCTTGATGTTCCTGTTTTATACATAATCGGAGCTTTTGTCCCTGCAACAATGATTGC
AGTGCTCTATTATTTTGATCACAGTGTGGCATCTCAACTTGCTCAGCAGCGACAGCAACGGAATTCGG
CCCTCG

SEQ ID NO 306, Atriplex hortensis - proteína

MSYSYPPPLPSNTLNNFLSPKPVTMKTTGGPPKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFD
TAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFPNLRHEGSHIGGEFGEYKPLHSSVNAKLEAICESLAKQGNEKQ
GKSGKSKKKDVANNNNNTSSSSSSSCCTTATAAADAPQQQQRMPENGGDVKTESTSDSEVGSGGSSPL
SDLTFGDNEEMGSENFLLESCPSHEIDWDAILSSES

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 307, Arabidopsis thaliana - DNA

AACAAGAGCCAAGCTAATGAGATAAGTGTATCGGTGAGGCTGAGAGTTATTCACTTACAAAAAAAAAA
AAAAACTTGAGTGTAACCAAAAAAAAAAGTTGATATACTTTCTGGTTTTCTCCTTAACTTTTATTCTT
TACAAATCCATCCCCCTTAGATCTGTTTATTTCCCGCTACTTTGATTCATTTCTGTTAGTAATCTGTC
TTTCGTATAGAAGAAAACTGATTTCTTGGTTTGTATTTTCTTAAAGAGATCAATCTTTTTTTATTTTT
GATCTTCTTGTGTTTTTTTTTCTTTGTAGAATTAATCGTTTGTGAGGGTATTTTTTTAATTCCCTCCT
CTCAGAAATCTACACAGAGGTTTTTTATTTTATAAACCTCTTTTTCGATTTTCTTGAAAACAAAAAAT
CCTGTTCTTTACTTTTTTTACAAGAACAAGGGAAAAAAATTTCTTTTTATTAGAAATGACAACTTCTA
TGGATTTTTACAGTAACAAAACGTTTCAACAATCTGATCCATTCGGTGGTGAATTAATGGAAGCGCTT
TTACCTTTTATCAAAAGCCCTTCCAACGATTCATCCGCGTTTGCGTTCTCTCTACCCGCTCCAATTTC
ATACGGGTCGGATCTCCACTCATTTTCTCACCATCTTAGTCCTAAACCGGTCTCAATGAAACAAACCG
GTACTTCCGCGGCTAAACCGACGAAGCTATACAGAGGAGTGAGACAACGTCACTGGGGAAAATGGGTG
GCTGAGATTCGTTTACCGAGGAATCGAACTCGACTTTGGCTCGGAACATTCGACACGGCGGAGGAAGC
TGCTTTAGCTTATGACAAGGCGGCGTATAAGCTCCGAGGAGATTTTGCGCGGCTTAATTTCCCTGATC
TCCGTCATAACGACGAGTATCAACCTCTTCAATCATCAGTCGACGCTAAGCTTGAAGCTATTTGTCAA
AACTTAGCTGAGACGACGCAGAAACAGGTGAGATCAACGAAGAAGTCTTCTTCTCGGAAACGTTCATC
AACCGTCGCAGTGAAACTACCGGAGGAGGACTACTCTAGCGCCGGATCTTCGCCGCTGTTAACGGAGA
GTTATGGATCTGGTGGATCTTCTTCGCCGTTGTCGGAGCTGACGTTTGGTGATACGGAGGAGGAGATT
CAGCCGCCGTGGAACGAGAACGCGTTGGAGAAGTATCCGTCGTACGAGATCGATTGGGATTCGATTCT
TCAGTGTTCGAGTCTTGTAAATTAGATGTTGCCATAGGGGTATTTTAGGGACTTTAGAGCTCTCTGCG
ATGGAGTTTTTGGTCATTGCAGAGATTTTATTATTATTAAGGGGGTTTGTTATGTTAATATCAAATAA
GTTTATCTACTTTGATGTTAATTAGTGTTAATCTCTGCGTCGGTCCAAGCTGTTTTTTTTTGGCATGC
TTCGACCGTGTGAGATTTCTTATGTAATTTTTGTAGTTCCTTGATTTTCTTAGTTCAAGTTAAATTGG
CACAAAAGAAC

SEQ ID NO 308, Arabidopsis thaliana - proteína

MTTSMDFYSNKTFQQSDPFGGELMEALLPFIKSPSNDSSAFAFSLPAPISYGSDLHSFSHHLSPKPVS
MKQTGTSAAKPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARL
NFPDLRHNDEYQPLQSSVDAKLEAICQNLAETTQKQVRSTKKSSSRKRSSTVAVKLPEEDYSSAGSSP
LLTESYGSGGSSSPLSELTFGDTEEEIQPPWNENALEKYPSYEIDWDSILQCSSLVN

SEQ ID NO 309, Arabidopsis thaliana - DNA

ATAACGAGAGATTTTTTATATATAAAAAATAAAGGAAGCACGAGTTCACCTTAAAAATTTGAGTTTCT
CTTTTCTTGACCCTGAAGTTTCGTTTTGATCAATTTCACCCATTTCTTTGTTCGTCGTCTTTTCTTTC
AAAAGGGTTTCATCTTTGTATTATAAAAATCCAAACTTTATATCTTCACAAGCAGCAAAGATCTCTAT
TTCAATCCTCTCATGGAAACTGCTTCTCTTTCTTTCCCTGTCCCAAACACGAGCTTCGGTGTAAACAA
ATCTATGCCTCTCGGTCTAAACCAGCTCACACCATACCAAATTCATCAGATTCAGAACCAGCTTAACC
ATAGACGTAGCACAATCTCAAACCTCTCTCCAAACCGTATCAGAATGAAGAACTTAACACCTTCTACC
TCCAAAACCAAGAATCTCTACAGAGGCGTAAGGCAAAGGCACTGGGGGAAATGGGTCGCTGAGATCCG
TTTGCCCAAGAACCGGACCCGTCTCTGGCTCGGGACATTCGAAACCGCCGAAAAAGCCGCCTTAGCTT
ACGACCAAGCTGCTTTTCAGCTCCGTGGAGATATCGCGAAGCTTAACTTCCCAAACCTCATACACGAA
GACATGAATCCTCTCCCTTCCTCTGTTGATACCAAGCTTCAAGCTATCTGCAAAAGTTTGAGAAAAAC
AGAGGAAATTTGCTCTGTTTCTGATCAAACAAAGGAGTACTCTGTTTACTCTGTTTCAGATAAAACAG
AGCTTTTCCTGCCAAAAGCAGAGCTTTTCTTGCCTAAAAGAGAGCATTTGGAGACAAATGAGCTCTCT
AATGAGTCACCGAGAAGCGATGAGACCTCGTTGTTGGATGAG

FIGURA 29 (Cont.)

TCGCAGGCGGAATATTCATCGTCGGATAAAACATTCCTGGATTTCTCGGATACTGAGTTTGAAGAGAT
TGGAAGTTTCGGGCTTCGGAAGTTTCCTTCGGTGGAGATTGATTGGGATGCAATTAGTAAACTGGCCA
ATTCTTAAAGTCTTCTATTTTATATTAATCTTCTGTGCAACTGAAATTTTCAACAAGTTGCAGATGAG
TTTATTAGGTTTGAATCTGTCCTAGTTTTCTTTGTTGGTCGTATAGAGTTTTACTATGTAGCTAATCT
CCATGTTTGGTTTGGCTTGGTAAGTTTTTAAGGTCCTCGTCATCAACAAACCGGAGAAAGTTTATGTA
TTCAAAAGCTATGTATTATATCCTCACATCTACTTATGAGAGTGAGATCAAAGTTTGTAAAATGAAGT
CTTGATTTCTTCTTTTAGTTCTCTCTTTTT

SEQ ID NO 310, Arabidopsis thaliana - proteína

METASLSFPVPNTSFGVNKSMPLGLNQLTPYQIHQIQNQLNHRRSTISNLSPNRIRMKNLTPSTSKTK
NLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFETAEKAALAYDQAAFQLRGDIAKLNFPNLIHEDMNP
LPSSVDTKLQAICKSLRKTEEICSVSDQTKEYSVYSVSDKTELFLPKAELFLPKREHLETNELSNESP
RSDETSLLDESQAEYSSSDKTFLDFSDTEFEEIGSFGLRKFPSVEIDWDAISKLANS

SEQ ID NO 311, Glycine max – DNA

ATAACGAGAGATTTTTTATATATAAAAAATAAAGGAAGCACGAGTTCACCTTAAAAATTTGAGTTTCT
CTTTTCTTGACCCTGAAGTTTCGTTTTGATCAATTTCACCCATTTCTTTGTTCGTCGTCTTTTCTTTC
AAAAGGGTTTCATCTTTGTATTATAAAAATCCAAACTTTATATCTTCACAAGCAGCAAAGATCTCTAT
TTCAATCCTCTCATGGAAACTGCTTCTCTTTCTTTCCCTGTCCCAAACACGAGCTTCGGTGTAAACAA
ATCTATGCCTCTCGGTCTAAACCAGCTCACACCATACCAAATTCATCAGATTCAGAACCAGCTTAACC
ATAGACGTAGCACAATCTCAAACCTCTCTCCAAACCGTATCAGAATGAAGAACTTAACACCTTCTACC
TCCAAAACCAAGAATCTCTACAGAGGCGTAAGGCAAAGGCACTGGGGGAAATGGGTCGCTGAGATCCG
TTTGCCCAAGAACCGGACCCGTCTCTGGCTCGGGACATTCGAAACCGCCGAAAAAGCCGCCTTAGCTT
ACGACCAAGCTGCTTTTCAGCTCCGTGGAGATATCGCGAAGCTTAACTTGCCAAACCTCATACACGAA
GACATGAATCCTCTCCCTTCCTCTGTTGATACCAAGCTTCAAGCTATCTGCAAAAGTTTGAGAAAAAC
AGAGGAAATTTGCTCTGTTTCTGATCAAACAAAGGAGTACTCTGTTTACTCTGTTTCAGATAAAACAG
AGCTTTTCCTGCCAAAAGCAGAGCTTTTCTTGCCTAAAAGAGAGCATTTGGAGACAAATGAGCTCTCT
AATGAGTCACCGAGAAGCGATGAGACCTCGTTGTTGGATGAGTCGCAGGCGGAATATTCATCGTCGGA
TAAAACATTCCTGGATTTCTCGGATACTGAGTTTGAAGAGATTGGAAGTTTCGGGCTTCGGAAGTTTC
CTTCGGTGGAGATTGATTGGGATGCAATTAGTAAACTGGCCAATTCTTAAAGTCTTCTATTTTATATT
AATCTTCTGTGCAACTGAAATTTTCAACAAGTTGCAGATGAGTTTATTAGGTTTGAATCTGTCCTAGT
TTTCTTGTTGGTCGTATAGAGTTTTACTATGTAGCTAATCTCCATGTTTGGTTTGGCTTGGTAAGTTT
TTAAGGTCCTCGTCATCAACAAACCGGAGAAAGTTTATGTATTCAAAAGCTATGTATTATATCCTCAC
ATCTACTTATGAGAGTGAGATCAAAGTTTGTAAAATGAAGTCTTGATTTCTTCTTTTAGTTCTCTCTT
TTTC

SEQ ID NO 312, Glycine max - proteína

MAALMDFYSSSTEFQLHSDPFRGELMEVLEPFMKSPFSTPSPSNSCFLSTSYSPSPNNYSPSLYSNGL
SSIPNTTQNLIGFGQGQPTSLVGLNHLTPSQISQIQAQIQIQNHSNTLSFLGPKPIPMKHVGMPPKPT
KLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPKNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDKAAYKLRGDFARLNFPNLRHQGSSV
GGDFGEYKPLHSAVDAKLQAICEGLAELQKQGKTEKPPRKTRSKLASPPENDNNNDNNSCKVEAAPPL

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 313, Arabidopsis thaliana - DNA

GTACATTTTTTTTTGTATTTCAGGAAACTCCGATGGCGGATCTCTTCGGTGGTGGCCACGGCGGCGAG
CTTATGGAAGCACTTCAACCTTTTTACAAAAGTGCTTCCACGTCTGCTTCAAATCCTGCGTTTGCGTC
CTCAAACGATGCGTTTGCGTCTGCCCCAAACGACCTATTTTCTTCTTCTTCTTACTATAATCCTCATG
CATCTTTATTCCCTTCACATTCCACAACCTCTTACCCGGATATTTATTCTGGATCCATGACCTATCCA
TCTTCATTCGGGTCGGATCTTCAACAACCCGAAAACTACCAATCTCAGTTCCATTACCAAAACACTAT
CACTTACACTCACCAAGACAACAACACTTGCATGCTTAACTTCATTGAGCCGAGCCAACCGGGTTTTA
TGACCCAACCGGGTCCGAGTTCGGGTTCGGTTTCAAAACCGGCTAAGCTCTATAGAGGAGTGAGGCAA
AGACATTGGGGAAAATGGGTCGCGGAGATCCGTTTACCCAGGAACCGAACCCGACTTTGGCTCGGAAC
ATTCGACACGGCTGAAGAAGCCGCGTTGGCTTATGATCGCGCCGCGTTTAAGCTTCGTGGTGACTCGG
CTCGGCTTAACTTCCCAGCTCTCCGATACCAAACCGGCTCGTCTCCGTCTGATACCGGCGAATATGGT
CCTATTCAAGCTGCCGTAGACGCTAAACTAGAAGCCATATTAGCTGAGCCGAAGAATCAGCCGGGCAA
AACGGAGAGGACGTCGAGGAAACGAGCTAAAGCCGCGGCTTCTTCAGCTGAGCAGCCGTCAGCGCCAC
AACAACATTCCGGGTCGGGTGAAAGTGATGGGTCGGGTTCACCGACTTCGGATGTTATGGTGCAGGAG
ATGTGCCAAGAGCCAGAGATGCCATGGAATGAAAATTTCATGCTCGGCAAGTGTCCTTCTTATGAGAT
AGATTGGGCTTCAATTTTATCGTGA

SEQ ID NO 314, Arabidopsis thaliana - proteína

MADLFGGGHGGELMEALQPFYKSASTSASNPAFASSNDAFASAPNDLFSSSSYYNPHASLFPSHSTTS
YPDIYSGSMTYPSSFGSDLQQPENYQSQFHYQNTITYTHQDNNTCMLNFIEPSQPGFMTQPGPSSGSV
SKPAKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDRAAFKLRGDSARLNFPALRYQ
TGSSPSDTGEYGPIQAAVDAKLEAILAEPKNQPGKTERTSRKRAKAAASSAEQPSAPQQHSGSGESDG
SGSPTSDVMVQEMCQEPEMPWNENFMLGKCPSYEIDWASILS

SEQ ID NO 315, Arabidopsis thaliana - DNA

AACAAATCTCTCTGTTTCTCCCGCTCTTGCTCTGTTTTCTCAAAGACAAAAGAGGACATCGTCGTTGA
CTCCTCTTCTCTATGGCTACTGCTAAGAACAAGGGAAAATCAATCAGGGTCCTTGGTACCAGTGAAGC
AGAGAAAAAGGATGAGATGGAGTTGGAGGAGGAGTTCCAGTTTAGTAGCGGCAAGTATAAAGATTCGG
GTCCTGGCTCGGACATGTGGTTAGGAGATGCTTCCTCTACGTCTCCAAGAAGTCTTAGGAAGACTAGA
ACCTTTGACCGACATAATCCCTATCTCGTATCTTCTTATGCTACTCCTCAGCCGCCAACAACAACTAC
ATGCTCTGTCTCTTTTCCCTTTTACCTCCCTCCAGCGATTCAAAATCAACAACGATTTTTACACCCGA
ATGACCCTTCAGGACAAAGACAGCAACAAATGATCTCGTTTGATCCTCAACAACAGGTGCAACCATAT
GTTGCACAACAGCAGCAACAACAACAACATCTATTGCAGTACTGGAGAGACATTCTGAAGCTGAGTCC
GAGCGGAAGAATGATGATGATGAACATGTTAAGACAAGAAAGCGATCTGCCACTGACGAGGCCACCGG
TTCAACCCTTCAGCGCCACCAAGCTATATAGAGGTGTCAGGCAACGCCACTGGGGAAAATGGGTTGCC
GAGATCCGTAAGCCACGAAACAGGACACGTCTCTGGCTAGGGACATTCGATACAGCAGAAGAAGCCGC
CATGGCCTACGACCGCGAGGCCTTCAAGTTGAGGGGAGAGACCGCTAGGCTCAATTTCCCTGAACTTT
TTCTCAATAAACAAGAGCCAACTCCCGTGCATCAGAAACAATGTGAGACGGGGACTACTAGTGAAGAC
TCAAGCAGAAGAGGAGAGGATGATTCGAGCACGGCATTGGCAGTAGGAGGGGTGAGTGAGGAGACGGG
TTGGGCTGAGGCATGGTTCAATGCAATTCCAGAGGAATGGGGACCTGGAAGCCCTCTATGGGATGATT
ACCACTTTCCCATTTCTAACCATAAGGACGATCTTGACGCCACACAAAACTCTTCTTCTGATACAATT
TAGGACCTTTGTTAGAATATAGATATGCTTAGTTGTATGACTGATCTAGCTTGTGTTTTTTTTTTGGG
TGGAGACAGTTTTTGTCATCTTCCACATTTTAGATTCTATTTTCGACCATCATTTTTTTCTTGATCGG
TGACTATGAATCTAATGGGGTCAATCATTTTCACATATAAAACTTAAGTATTTGGTGTTTGTACTTC

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 316, Arabidopsis thaliana - proteína

MATAKNKGKSIRVLGTSEAEKKDEMELEEEFQFSSGKYKDSGPGSDMWLGDASSTSPRSLRKTRTFDR
HNPYLVSSYATPQPPTTTTCSVSFPFYLPPAIQNQQRFLHPNDPSGQRQQQMISFDPQQQVQPYVAQQ
QQQQQHLLQYWRDILKLSPSGRMMMMNMLRQESDLPLTRPPVQPFSATKLYRGVRQRHWGKWVAEIRK
PRNRTRLWLGTFDTAEEAAMAYDREAFKLRGETARLNFPELFLNKQEPTPVHQKQCETGTTSEDSSRR
GEDDSSTALAVGGVSEETGWAEAWFNAIPEEWGPGSPLWDDYHFPISNHKDDLDATQNSSSDTI

SEQ ID NO 317, Arabidopsis thaliana - DNA

ATGATCACACCAATACACACACAACACTCCTTAATTCTCGTATATATAAACATTTATTCTCCACCTAT
TTTGTCAAAATTAAGAACAGGCTTCATTCTCTGGACAAACACTCAAAAAACAAACAAAAAAAGGAACA
TGGAAGATCAGTTTCCTAAAATAGAAACTAGCTTCATGCACGACAAGCTCTTGTCTTCTGGAATCTAC
GGGTTCTTGAGTTCTTCGACGCCGCCACAACTTCTCGGTGTTCCAATATTTTTGGAAGGTATGAAATC
TCCTCTTCTTCCTGCTTCTTCGACTCCGAGCTACTTTGTGTCGCCTCATGATCATGAGCTCACATCTT
CTATTCATCCATCTCCGGTAGCTTCTGTTCCTTGGAACTTTCTAGAATCTTTTCCTCAGTCTCAACAT
CCTGATCATCATCCTTCTAAACCTCCAAACCTTACTTTGTTCCTTAAAGAACCAAAGCTACTAGAACT
TTCTCAATCCGAAAGCAACATGAGCCCTTACCATAAATACATCCCAAACTCCTTTTATCAATCAGACC
AAAACAGAAACGAATGGGTAGAGATCAATAAAACTCTAACCAACTATCCCTCGAAAGGTTTTGGAAAC
TATTGGCTAAGTACCACCAAGACTCAACCCATGAAGTCAAAAACAAGAAAGGTTGTTCAGACGACGAC
CCCAACAAAACTGTATAGAGGAGTGAGACAAAGACACTGGGGCAAATGGGTCGCAGAGATTAGGCTTC
CAAGGAACAGAACCCGTGTTTGGCTCGGCACTTTTGAAACCGCTGAGCAAGCAGCAATGGCTTACGAT
ACAGCAGCTTATATCCTTCGTGGCGAATTCGCACACCTCAACTTTCCTGATCTTAAACACCAGCTCAA
GTCCGGTTCTTTGCGATGCATGATCGCCTCACTTTTGGAGTCCAAGATTCAACAGATCTCATCTTCCC
AAGTAAGTAACTCTCCTTCTCCTCCTCCTCCAAAAGTGGGAACACCGGAGCAAAAGAATCATCACATG
AAGATGGAGTCAGGAGAAGACGTGATGATGAAGAAACAGAAAAGCCATAAGGAAGTGATGGAAGGAGA
TGGTGTACAATTGAGTAGGATGCCTTCTTTGGATATGGATCTCATTTGGGATGCTCTCTCATTTCCTC
ATTCTTCTTGACTTCAAATTAATATTTGTCAAACTTATTTTACTTACTTCTACCCTTTTTTATATCAA
AAGTTTCCACCAAAGAAAGAAATTCATATTATGATGCCAAGATTGGTTTGCATTTGGGGTTGAACACA
TTGTAATTCTTCTTACGACCACATAATCAAGTGGTTCTCCTTTTTTTGTCTGCTAATTAATTGTTCTT
TTCTTTGCGGTTACTAGTAACCATAAAATAGAAAAGTGTTTGTTT

SEQ ID NO 318, Arabidopsis thaliana - proteína

MITPIHTQHSLILVYINIYSPPILSKLRTGFILWTNTQKTNKKRNMEDQFPKIETSFMHDKLLSSGIY
GFLSSSTPPQLLGVPIFLEGMKSPLLPASSTPSYFVSPHDHELTSSIHPSPVASVPWNFLESFPQSQH
PDHHPSKPPNLTLFLKEPKLLELSQSESNMSPYHKYIPNSFYQSDQNRNEWVEINKTLTNYPSKGFGN
YWLSTTKTQPMKSKTRKVVQTTTPTKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRVWLGTFETAEQAAMAYD
TAAYILRGEFAHLNFPDLKHQLKSGSLRCMIASLLESKIQQISSSQVSNSPSPPPPKVGTPEQKNHHM
KMESGEDVMMKKQKSHKEVMEGDGVQLSRMPSLDMDLIWDALSFPHSS

SEQ ID NO 319, Oryza sativa - DNA

ATGGACGCGGTGGACAGAGGCGGAGGCGGAGGCGGTGGAGGAGCGCGCGGGCACGGGCGGAGATGGAA
GGGGAAGGGAGTGAGCGCGGCGATCTCCTCCTCCGCGGCCGAGACGCAGCAGCCGGTGCCAGTTTTAG
AAGACGCGCCGGCGGCCGCAGCATTGCTCCGTCCCCAGAAGAAGATCCGCAGCCCCGATCGT

FIGURA 29 (Cont.)

CGCCTCCAGCGCTCCATCTCCTCGCTGTCGTCGGCCCCTGCTTCCCCCGACTCGTCCTCTGTCTCCAA
CCCCATGTCTCCCCCGGCGATGTCCTTGCCGAATCAGCCGCCATCGTCGCGACATATATTTCCGTTCG
CGTACGATCCGTCTCCGGGCGCGGCGGCACCAAGGCTCCTCCCGCTGCTGCAGTACTCCAGCTTGTAC
CCGCAGCCTCTGCTGCCGCAGCAGCAATCACCCTTGCAGAATCAGCAAATGATATCGTTCGGCAGTAG
CCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCGCAGTTTGGGGCGGCGTCTCCTCTGTTCCCGCCGCAGTTCTTGC
CGCCGGAGGAGCAGCAGCGCCTGCTGCTGCGCTACTGGAGCGAGGCGCTGAACCTGAGCCCCCCAGGC
GTGCGCGGCGGCGCCCTGCCGCCGTCGCTGTACCAGCACCTGCTGCGCGCGCCTGGGCCGCCCAAACT
GTACCGCGGCGTGCGGCAGCGCCACTGGGGGAAGTGGGTGGCGGAGATCCGCCTGCCGCGGAACCGCA
CCAGGCTGTGGCTCGGCACGTTCGACACCGCCGAGGACGCAGCCATGGCGTACGACCGCGAGGCCTTC
AAGCTCCGCGGCGAGAACGCGCGGCTCAACTTCCCCGACCTCTTCCTTGGCAAAGGCCGCACCGGCGG
GAGCGGACGCACCAGCGCCAGCGCCGCGGCCTCCTGCTCCTCCTCCTCCTCTTCGGCTCCGCCTACAC
CGGACGAGAGCCACACGCAGCAAGCTCAGCCGCAGCCGCAGCAGCCTACAGAAGAGTCATCCAACACT
GAACCGAAGCCTCTGCTCTTCGTAGCAGAGCAGGACGGCATTCCAGAACCCGAGCTGAATCCTCAGCT
CCAGACAGCTGAACAACATGGCAGCGACGGCAACACGGCCATGTTCCAGCCGTCGGTGACGTCCGGCG
GCATTTGGGGTCCGGCCGACGAGGCGTGGTTCAGCGCTTGGGGGCCAGGAAGCTCCGTCTGGGACTAC
GACATGGACAGCGCCCACGGCCTCCTCCTCCAGTCTCGCTTGGCCGGTGAGCAGACCGGCATGGACTA
CGCCTACACCGCGCCGGAAGTCCTCGTGGCACCGGTGCCGGCGGCAGGGACAGCCATGGCCACTGCCG
CTTCCTCCTCTCTTCCTCCTCGTCCTCCCCCTCCTTGCCACAGTCCAACCTTCGCATGGAAGGACTAA

SEQ ID NO 320, Oryza sativa - proteína

MDAVDRGGGGGGGARGHGRRWKGKGVSAAISSSAAETQQPVPVLEDAPAAAALLRPQKKIRSPDRRL
QRSISSLSSAPASPDSSSVSNPMSPPAMSLPNQPPSSRHIFPFAYDPSPGAAAPRLLPLLQYSSLYPQ
PLLPQQQSPLQNQQMISFGSSQQQQQQQPQFGAASPLFPPQFLPPEEQQRLLLRYWSEALNLSPPGVR
GGALPPSLYQHLLRAPGPPKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEDAAMAYDREAFKL
RGENARLNFPDLFLGKGRTGGSGRTSASAAASCSSSSSSAPPTPDESHTQQAQPQPQQPTEESSNTEP
KPLLFVAEQDGIPEPELNPQLQTAEQHGSDGNTAMFQPSVTSGGIWGPADEAWFSAWGPGSSVWDYDM
DSAHGLLLQSRLAGEQTGMDYAYTAPEVLVAPVPAAGTAMATAASSSLPPRPPPPCHSPTFAWKD

SEQ ID NO 321, Oryza sativa - DNA

ACGTTTGGCTGCACCCTGTCTCGCGGCTGATACGTTTGCACAGGCGTTCAGATACAGCCGATACACCG
GCGGCGCTAGCTGCGTTTCTTCTCCGCATGGACGCTCCGTCGTCGCCCTCGCCACCGTCGGCGCGACA
CATCTTCCCCTTCGCGTACGAGGCCTCCACGACGACGGTGGGTGGGAGCCCAAGGCTCCACCCGCTGT
CGTGGCAGCAATCCAGCATGTCCCAGCCCGCGTCGCCACAGCAACAGCAGCAGCAGCCGTTGCAGCAC
CAGCAGATGATATCGTTCGGCGCGTCGCCTCCGTGCTCGACGACGCAGTTCGTCGTCCCGGAGAACGC
GCAGCAGCAGCAGATGCTGCTGCGGTACTGGAGCGAGGCGCTGAACCTGAGCCCGCGCGGTGGCCCCG
GTGGCGTGCCACCGTGGCTGTACCAGCAGCTGCTCCGGGTCCCGCCACCGCCGCAGAAGCTTTACCGC
GGCGTGCGGCAGAGGCACTGGGGGAAGTGGGTCGCGGAGATCCGCCTGCCACGGAACCGCACGCGGCT
GTGGCTTGGCACCTTCGACACCGCCGAGGACGCCGCCATGGCGTACGACCGCGAGGCCTTCAAGCTCC
GCGGCGAGAACGCGCGGCTCAACTTTCCGGACCGGTTCCTTGGGAAGGGCCGCGCCGGCGGGAAAGGC
CGCACCAGCGTAAGCTCCTCGGCCGCTGCCGCCGCGTCGTGCTCGTCGTCGTCGCTATCGCCACCGGA
GACACCTGACGACGCAAACACGCAGCAACAAGCTCCTCAGCAGCGAGAACAGCGGGACACGGCAGGAG
TGTCCATGGAGAAGAAACAACCACAGCCTCCAGCTCCAACCTCTCGTCAAGAAGGGTGCTCTGGCGGC
GACGCAGCTGCGCCGTACCCGGCCGAAATGCTTCACGCGCCGGCGGCGTGCGGCGGCATGTGGGTTGC
TCCCGACGAGTCATGGTTCAGCACGTGGGGCCCTGGCA

FIGURA 29 (Cont.)

GCTCCTTCTGGGACGACTACGACATGGACAGCGCTCGCGGCCTCTTCCTCCACCCTCGCTTCACCGGT
GACGAAACTAGCATGGATCATTCCGGCACGCAAGCAACCGTGCCGGCAGTGGCAGCAACAGCGGCAGG
GATGAGCATGCCATGCGATGATGTTCCGGTAACCTCTTCTTCTTCAGATCTCCCTCCCCAAGGGACAC
CTCAGACTCCTACCTTCATGTGGAAGGAGGACTAAGCATGCATGCACACAGCCACGCACCTCGACGAG
ACGACTATCTCTTCCATCTCCCATCGACTTCGACGATCTCTTTCATTACTCATCGACTTCAACCACAA
AGGTATGATTAGGGTAGAGATGCTTGCAGATTGCAGTTTTAAAGACAATTTTGCAGCATCACACAGCT
CTACGTACAACAGCCACACCTATATCAATTCTCAAGACTTCTAAACCACAAGGGAACCCCTGTTCTAG
GCTGCGATTTTTAGGTCAGCTTGTTGGGGTGACCACAGTACAATTCCCTTTATTTCGTATCTTCCCAA
GATTGTGTGTGTCAGATATTCGTTGAACTCGACTTCAAAAGATTTGAAGTATTCATGTTTTCTTTTAC
TC

SEQ ID NO 322, Oryza sativa - proteína

MDAPSSPSPPSARHIFPFAYEASTTTVGGSPRLHPLSWQQSSMSQPASPQQQQQQPLQHQQMISFGAS
PPCSTTQFVVPENAQQQQMLLRYWSEALNLSPRGGPGGVPPWLYQQLLRVPPPPQKLYRGVRQRHWGK
WVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEDAAMAYDREAFKLRGENARLNFPDRFLGKGRAGGKGRTSVSSSAA
AAASCSSSSLSPPETPDDANTQQQAPQQREQRDTAGVSMEKKQPQPPAPTSRQEGCSGGDAAAPYPAE
MLHAPAACGGMWVAPDESWFSTWGPGSSFWDDYDMDSARGLFLHPRFTGDETSMDHSGTQATVPAVAA
TAAGMSMPCDDVPVTSSSSDLPPQGTPQTPTFMWKED

SEQ ID NO 323, Oryza sativa - DNA

ATGGACGCTCCGAGCGGCGAGAGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGTGGTGGCAGGAGGTGGAAGGGGAA
GGGGGTGACGCCCATACAGCCGCGGCGGCAGCTGGGGACGGTTTTGGAGGACTCGTCGGCGGCATTGC
TGCGGCCGCTCAAGAAGATTGGGCGGAGCCCCGACCGCCTCCTCCGCTCCGCATCGTCGCTCTCCACG
TCCTCGTCGGCTCCGCCTTCGCCTCGCTCTTCTTCGGCTTCCGATGCTCCAGTCCGCGTCATCTCGTC
GTCGCCGTCGTCGCCCTCGCCACCGTCGGCGCGACACATCTTCCCCTTCGCGTACGAGGCCTCCACGA
CGACGGTGGGTGGGAGCCCAAGGCTCCACCCGCTGTCGTGGCAGCAATCCAGCATGTCCCAGCCCGCG
TCGCCACAGCAACAGCAGCAGCAGCCGTTGCAGCACCAGCAGATGATATCGTTCGGCGCGTCGCCTCC
GTGCTCGACGACGCAGTTCGTCGTCCCGGAGAACGCGCAGCAGCAGCAGATGCTGCTGCGGTACTGGA
GCGAGGCGCTGAACCTGAGCCCGCGCGGTGGCCCCGGTGGCGTGCCACCGTGGCTGTACCAGCAGCTG
CTCCGGGTCCCGCCACCGCCGCAGAAGCTTTACCGCGGCGTGCGGCAGAGGCACTGGGGGAAGTGGGT
CGCGGAGATCCGCCTGCCACGGAACCGCACGCGGCTGTGGCTTGGCACCTTCGACACCGCCGAGGACG
CCGCCATGGCGTACGACCGCGAGGCCTTCAAGCTCCGCGGCGAGAACGCGCGGCTCAACTTTCCGGAC
CGGTTCCTTGGGAAGGGCCGCGCCGGCGGGAAAGGCCGCACCAGCGTAAGCTCCTCGGCCGCTGCCGC
CGCGTCGTGCTCGTCGTCGTCGCTATCGCCACCGGAGACACCTGACGACGCAAACACGCAGCAACAAG
CTCCTCAGCAGCGAGAACAGCGGGACACGGCAGGAGTGTCCATGGAGAAGAAACAACCACAGCCTCCA
GCTCCAACCTCTCGTCAAGAAGGGTGCTCTGGCGGCGACGCAGCTGCGCCGTACCCGGCCGAAATGCT
TCACGCGCCGGCGGCGTGCGGCGGCATGTGGGTTGCTCCCGACGAGTCATGGTTCAGCACGTGGGGCC
CTGGCAGCTCCTTCTGGGACGACTACGACATGGACAGCGCTCGCGGCCTCTTCCTCCACCCTCGCTTC
ACCGGTGACGAAACTAGCATGGATCATTCCGGCACGCAAGCAACCGTGCCGGCAGTGGCAGCAACAGC
GGCAGGGATGAGCATGCCATGCGATGATGTTCCGGTAACCTCTTCTTCTTCAGATCTCCCTCCCCAAG
GGACACCTCAGACTCCTACCTTCATGTGGAAGGAGGACTAA

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 324, Oryza sativa - proteína

MDAPSGESGGGGGGGGGRRWKGKGVTPIQPRRQLGTVLEDSSAALLRPLKKIGRSPDRLLRSASSLST
SSSAPPSPRSSSASDAPVRVISSSPSSPSPPSARHIFPFAYEASTTTVGGSPRLHPLSWQQSSMSQPA
SPQQQQQQPLQHQQMISFGASPPCSTTQFVVPENAQQQQMLLRYWSEALNLSPRGGPGGVPPWLYQQL
LRVPPPPQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEDAAMAYDREAFKLRGENARLNFPD
RFLGKGRAGGKGRTSVSSSAAAAASCSSSSLSPPETPDDANTQQQAPQQREQRDTAGVSMEKKQPQPP
APTSRQEGCSGGDAAAPYPAEMLHAPAACGGMWVAPDESWFSTWGPGSSFWDDYDMDSARGLFLHPRF
TGDETSMDHSGTQATVPAVAATAAGMSMPCDDVPVTSSSSDLPPQGTPQTPTFMWKED

SEQ ID NO 325, Arabidopsis thaliana - DNA

ATTAAATAGATCTTTAAACAAAAAAACCAAATTCTACTTTTCTTTCAAAAACAATCTCTCATTATCTC
AATCTTACTCTTGTTCAATCTCTTTTGAACTTGAAAAACCATCATTCTATCAAATCAAACACAATTGT
TAGGGTTTCTTTTTATCTTATACTCCACGAAACGTCTGGTTGAGAAAAAATGGAAGAAAGCAATGATA
TTTTTCAGAACAATTTCAGTCCTAAAATCTCAGAAATCAGAGCATCTCTGTCTCAGATCATATTAGCA
GGAGGACCAAACACACTCGACTCAATCTTCTCACTTCTCACTCCCTCCTCCGTAGAATCCGCCACAAC
ATCATTCAACACTCACAATCCTCCGCCACCGCCGCAGCTCGGGTCCTCCGTCTATCTCCGCCAACGAG
ATATCATCGAGAAGTTCCACCTTCAGAACAGAGCAATCTCCACTCCTCATCCTCCTCTGTTTTCCTCA
ACGTACGATCATCATCAAACTTCCGAGCTAATGCTCCAAGCGGCGGCCGGGTCTCCAGCCGCCGCTTT
CGCCGCTGCGTTAGCGGCTGGGAGGGTGACGAAAAAGAAGAAACTTTACAGAGGAGTGAGGCAGAGAC
ATTGGGGAAAATGGGTTGCGGAGATAAGATTGCCGCAAAACAGAATGAGGGTTTGGTTAGGTACTTAC
GACACGGCGGAAGCCGCCGCTTACGCTTACGATCGCGCCGCCTATAAGCTCCGTGGAGAATACGCTCG
TCTCAATTTTCCTAATCTCAAAGACCCGAGTGAGCTACTCGGACTCGGAGATTCCTCTAAGCTAATAG
CTCTCAAGAACGCCGTCGACGGGAAGATCCAATCCATTTGCCAGAGAGTCAGAAAAGAGAGAGCAAAA
AAGAGCGTAAAAGTGAGCAAAAACTCGTCGGCCACGGCGGATTCTTCGTGTTTGTCATCGCCGGAGAT
TCTGTCGTCGTCTCCGGTGACGACAACTACTACTGCGGTTACTTCAGAGGATAGTTATTGGGTTTCAC
CTATGGGTTTGTGTAACAGTGAAAATAGTTCTCCGGTATCAGTTTCGGTCCCTAGTGAAGTACCGGCG
ACGGCGGAGGAAGAGGCAATGATGGGAGTGGACACTGATGGGTTTTTATTAGCGAGGATGCCATCGTT
CGATCCAGAGCTGATTTGGGAAGTTCTTGCCAATTAATACTACACAAAGAATGTGAATTTTGATCAAA
ATTGCAACAAGAAGAAGAAAAAAAAAAGTTTGGAATTAGGACAAAAATGATGAGAAAAATTAGGGTTT
TAGGTGTTAATTTAGGGTTTAAAGTAAAACCGGATCTTTTGTTAAAATCATTCGAAAGTTGTTAAATA
ATATAATTAGGGTTTCTCAAATACAATGTAAAGCCTCGTGGTTTTTGAAAGAGGTTGTGAAAGCTCCT
TTTTTTGAATTTCTGTTTTAGATCATCGAAGGACTTTCTTTCTGATTGTACTTAGAAGAACAATTATA
TGTTACAGTGTTAATTTAATAAAATTGAGATT

SEQ ID NO 326, Arabidopsis thaliana - proteína

MEESNDIFQNNFSPKISEIRASLSQIILAGGPNTLDSIFSLLTPSSVESATTSFNTHNPPPPPQLGSS
VYLRQRDIIEKFHLQNRAISTPHPPLFSSTYDHHQTSELMLQAAAGSPAAAFAAALAAGRVTKKKKLY
RGVRQRHWGKWVAEIRLPQNRMRVWLGTYDTAEAAAYAYDRAAYKLRGEYARLNFPNLKDPSELLGLG
DSSKLIALKNAVDGKIQSICQRVRKERAKKSVKVSKNSSATADSSCLSSPEILSSSPVTTTTTAVTSE
DSYWVSPMGLCNSENSSPVSVSVPSEVPATAEEEAMMGVDTDGFLLARMPSFDPELIWEVLAN

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 327, Oryza sativa - DNA

ATGGCAGCTGCTATAGAAGGAAATCTGATGCGGGCGCTGGGAGAGGCTCCGTCGCCGCAGATGCAGAA
GATCGCGCCGCCGCCGTTTCATCCCGGCTTGCCGCCGGCGCCGGCGAACTTCTCCTCGGCCGGAGTCC
ACGGGTTCCACTACATGGGCCCGGCCCAGCTCAGCCCGGCCCAGATCCAGCGCGTCCAGGCCCAACTC
CACATGCAGCGGCAGGCCCAGTCGGGGCTCGGCCCGCGGGCCCAGCCCATGAAGCCCGCTTCGGCGGC
TGCTCCGGCGGCGGCGGCGGCGCGGGCGCAGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCACTGGGGCA
AGTGGGTGGCGGAGATCCGGCTGCCGCGCAACCGCACCAGGCTCTGGCTCGGCACCTTCGACACCGCC
GAGGAGGCGGCGCTCACCTACGACCAGGCCGCGTACCGCCTCCGCGGCGACGCGGCGCGGCTCAACTT
CCCGGACAACGCCGCGTCGCGGGGCCCGCTCGACGCCGCCGTGGACGCCAAGCTCCAGGCCATCTGCG
ACACCATCGCCGCGTCCAAGAACGCCTCATCCAGGTCCAGGGGCGGCGCCGGCAGGGCCATGCCCATC
AACGCGCCCCTGGTCGCCGCGGCGTCGTCGTCCTCCGGCTCCGACCACTCCGGCGGCGGCGACGACGG
CGGCTCGGAGACGTCGTCGTCGTCTGCGGCGGCGTCGCCGCTGGCGGAGATGGAGCAGCTGGACTTCA
GCGAGGTGCCGTGGGACGAGGCGGAGGGGTTCGCGCTCACCAAGTACCCGTCGTACGAGATCGACTGG
GACTCGCTGCTCAACAACAATAACTAG

SEQ ID NO 328, Oryza sativa - proteína

MAAAIEGNLMRALGEAPSPQMQKIAPPPFHPGLPPAPANFSSAGVHGFHYMGPAQLSPAQIQRVQAQL
HMQRQAQSGLGPRAQPMKPASAAAPAAAAARAQKLYRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTA
EEAALTYDQAAYRLRGDAARLNFPDNAASRGPLDAAVDAKLQAICDTIAASKNASSRSRGGAGRAMPI
NAPLVAAASSSSGSDHSGGGDDGGSETSSSSAAASPLAEMEQLDFSEVPWDEAEGFALTKYPSYEIDW
DSLLNNNN

SEQ ID NO 329, Oryza sativa - DNA

ATGGACGCCAGCCTCCGCACACTGCCTCCGGCGATCTTCCCCGGCGAGGTCCGCTCCGCCGTCTCCTC
CCTCCTCCTCTCTCCCGGCGGCAGCGCCCTCGACACCGTGTTCTCCCACCTCCCGCCGCCCGTCACCA
TCCCGCCGCTCGGCTCCAGCGTCTACTACCGCCAGAGCGAGCTCCTGCGCCACTTCGCCGCGTCGCAG
GCGGCGCAGGCGCAGAGCGCCACCGCCGCCGCCAGCTCTTCGTCGGCCGCCGCGGCGGGTCTCGACGA
TGGCGCGCCGCGGAAGCTGTACCGCGGCGTGCGGCAGCGGCAGTGGGGGAAGTGGGTGGCCGAGATCA
GGCTGCCGCAGAACCGGGTGCGCGTGTGGCTCGGCACCTACGACTCGCCGGAGACCGCCGCGCACGCC
TACGACCGCGCCGCGTTCAAGCTCCGCGGCGAGTACGCGCGCCTCAACTTCCCCGGCGTCATGGACGG
CCGCGACTGCCCCGACAACCTGCGCCAACTCCGCGACGCCGTCGACGCCAAGATCCAGGCCATCCGCG
TCCGCATGGCGCGCAAGCGCGCGCGCGCGCCGCCAGCGCGAGGAGAGCAAGAAGAGCCAACGCGCC
GAGGACGCGAAGGCGGCGACGCCGTCTCGCCCCGTGGCCTCCGAGCGCGCCGCGTCCGAGACGACGAC
GACGACAACCACGACGTCGTCGTCGTACGGGTCACCGGACGGCGTGCTCTCCATGAGCGCGGCGTCCG
TCGACGGCGACTGCCCGCTCGAGCGGATGCCGTCGTTCGATCCCGAGTTGATCTGGGAGATGCTTAAC
TTCTAG

SEQ ID NO 330, Oryza sativa - proteína

MDASLRTLPPAIFPGEVRSAVSSLLLSPGGSALDTVFSHLPPPVTIPPLGSSVYYRQSELLRHFAASQ
AAQAQSATAAASSSSAAAAGLDDGAPRKLYRGVRQRQWGKWVAEIRLPQNRVRVWLGTYDSPETAAHA
YDRAAFKLRGEYARLNFPGVMDGRDCPDNLRQLRDAVDAKIQAIRVRMARKRARARRQREESKKSQRA
EDAKAATPSRPVASERAASETTTTTTTTSSSYGSPDGVLSMSAASVDGDCPLERMPSFDPELIWEMLN
F

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 331, região C-terminal de SEQ ID NO: 258

PFLMQWLNLLPLPVLDSSSWCPEHFHNSESDALP

SEQ ID NO 332, domínio de ligação de DNA AP2

YRGVRQRHWGKWVAEIRLPRNRTRLWLGTFDTAEEAALAYDSAAFRLRGESARLNF

SEQ ID NO 333, Motivo XVIII

RLPXNX[1]RXRXWLGT F/Y D/E T/S

SEQ ID NO 334, Motivo XIX

RG D/E

SEQ ID NO 335, Motivo XX

WDESESFLLHKYPSLEIDWDAILS

SEQ ID NO 336, Motivo XXI

GPPLHAAVDAKLHAICH

SEQ ID NO 337, Motivo XXII

GANYLTPAQVLHVQAQLQRLRRP

SEQ ID NO 338, Motivo XXIII

VDSKELMGALAPSMVSFSYPCSEQSASS

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 339 – ORIZA SATIVA – PROMOTOR GOS2 (NOVA VERSÃO 013107)

aatccgaaaagtttctgcaccgttttcacccctaactaacaatatagggaacgtgtgctaaatataa
aatgagaccttatatatgtagcgctgataactagaactatgcaagaaaaactcatccacctactttag
tggcaatcgggctaaataaaaaagagtcgctacactagtttcgttttccttagtaattaagtgggaaa
atgaaatcattattgcttagaatatacgttcacatctctgtcatgaagttaaattattcgaggtagcc
ataattgtcatcaaactcttcttgaataaaaaaatctttctagctgaactcaatgggtaaagagagag
attttttttaaaaaaatagaatgaagatattctgaacgtattggcaaagatttaaacatataattata
taattttatagtttgtgcattcgtcatatcgcacatcattaaggacatgtcttactccatcccaattt
ttatttagtaattaaagacaattgacttatttttattatttatctttttcgattagatgcaaggtac
ttacgcacacactttgtgctcatgtgcatgtgtgagtgcacctcctcaatacacgttcaactagcaac
acatctctaatatcactcgcctatttaatacatttaggtagcaatatctgaattcaagcactccacca
tcaccagaccacttttaataatatctaaaatacaaaaaataatttacagaatagcatgaaaagtatg
aaacgaactatttaggtttttcacatacaaaaaaaaaaagaattttgctcgtgcgcgagcgccaatct
cccatattgggcacacaggcaacaacagagtggctgcccacagaacaacccacaaaaaacgatgatct
aacggaggacagcaagtccgcaacaacctttaacagcaggctttgcggccaggagagaggaggagag
gcaaaga!
aaaccaagcatcctccttctcccatctataaattcctccccccttttcccctctctatataggaggca
tccaagccaagaagagggagagcaccaaggacacgcgactagcagaagccgagcgaccgccttctcga
tccatatcttccggtcgagttcttggtcgatctcttccctcctccacctcctcctcacagggtatgtg
cctcccttcggttgttcttggatttattgttctaggttgtgtagtacgggcgttgatgttaggaaagg
ggatctgtatctgtgatgattcctgttcttggatttgggatagaggggttcttgatgttgcatgttat
cggttcggtttgattagtagtatggttttcaatcgtctggagagctctatggaaatgaaatggtttag
ggatcggaatcttgcgattttgtgagtacctttgtttgaggtaaaatcagagcaccggtgattttgc
ttggtgtaataaagtacggttgtttggtcctcgattctggtagtgatgcttctcgatttgacgaagct
atcctttgtttattccctattgaacaaaaataatccaactttgaagacggtcccgttgatgagattga
atgattgattcttaagcctgtccaaaatttcgcagctggcttgtttagatacagtagtccccatcacg
aaattcatggaaacagttataatcctcaggaacaggggattccctgttcttccgatttgctttagtcc
cagaatttttttcccaaatatcttaaaaagtcactttctggttcagttcaatgaattgattgctaca
aataatgcttttatagcgttatcctagctgtagttcagttaataggtaataccctatagtttagtca
ggagaagaacttatccgatttctgatctccatttttaattatatgaaatgaactgtagcataagcagt
attcatttggattatttttttattagctctcaccc!
cttcattattctgagctgaaagtctggcatgaactgtcctcaattttgttttcaaattcacatcgatt
at
ctatgcattatcctcttgtatctacctgtagaagtttctttttggttattccttgactgcttgattac
agaaagaaatttatgaagctgtaatcgggatagttatactgcttgttcttatgattcatttcctttgt
gcagttcttggtgtagcttgccactttcaccagcaaagttc

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO 340, Oryza sativa – PRO0110_RCc3_2 (nova seqüência 050307)

tcgacgctactcaagtggtgggaggccaccgcatgttccaacgaagcgccaaagaaagccttgcagac
tctaatgctattagtcgcctaggatatttggaatgaaaggaaccgcagagtttttcagcaccaagagc
ttccggtggctagtctgatagccaaaattaaggaggatgccaaaacatgggtcttggcgggcgcgaaa
caccttgataggtggcttacctttaacatgttcgggccaaaggccttgagacggtaaagttttctat
ttgcgcttgcgcatgtacaattttattcctctattcaatgaaattggtggctcactggttcattaaaa
aaaaaagaatctagcctgttcgggaagaagaggattttgttcgtgagagagagagagagagagagaga
gagagagagagagaaggaggaggaggattttcaggcttcgcattgcccaacctctgcttctgttggcc
caagaagaatcccaggcgcccatgggctggcagtttaccacggacctacctagcctaccttagctatc
taagcgggccgacctagtagccacgtgcctagtgtagattaaagttgccgggccagcaggaagccacg
ctgcaatggcatcttcccctgtccttcgcgtacgtgaaaacaaacccaggtaagcttagaatcttctt
gcccgttggactgggacacccaccaatcccaccatgccccgatattcctccggtctcggttcatgtga
tgtcctctcttgtgtgatcacggagcaagcattcttaaacggcaaaagaaaatcaccaacttgctcac
gcagtcacgctgcaccgcgcgaagcgacgcccgataggccaagatcgcgagataaaataacaaccaat
gatcataaggaaacaagcccgcgatgtgtcgtgtgcagcaatcttggtcatttgcgggatcgagtgct
tcacagc!
taaccaaatattcggccgatgatttaacacattatcagcgtagatgtacgtacgatttgttaattaat
ctacgagccttgctagggcaggtgttctgccagccaatccagatcgccctcgtatgcacgctcacatg
atggcagggcagggttcacatgagctctaacggtcgattaattaatcccggggctcgactataaatac
ctccctaatcccatgatcaaaaccatctcaagcagcctaatcatctccagctgatcaagagctcttaa
ttagctagctagtgattagctgcgcttgtgatc

FIGURA 29 (Cont.)

SEQ ID NO: 341; HVAP2-2 Hordeum vulgare c62815824hv270303@7626

CCGCTTCATTAAAAACTGCCCATTTTTCCAGTTCCGACGAGGCGCCTCCCCCCCTCCCCG
GCGACGACTAGGACGAGGCACCGCCGGCAACAACCATGTGCGGCGGCGCGATCCTCAAGG
ACCTCAAGGTCCCCGCGGTGACGCGGAAGGTGACGGAGGCGGCGCTGTGGCCCGAGAAGA
AGAAGCCCAGGCAGGCCGACGGCGGGGCCCGGCGCCTCGGGCTGGTCGACGGCGAGGAGG
ACTTCGAGGCCGACTTCGAGGAGTTCGAGGCCGACTCCGGGGACTCCGACCTGGAGCTCG
GGCGCGGCCGGGCGGCTGAGAAGGACGACGACGAGGTCGTCGAGATCAAGCCCTACGCCG
CCGTCAAGAGGCCCCTCTCCCAAGATGACTTCAGCATCATTACTACTGCTGGTTGTGATG
GTCCTGCACAAAGGTCAGCAAAAAGGAAGAGAAAGAACCAATTCAGGGGTATCCGTCAGC
GCCCCTGGGGTAAGTGGGCTGCTGAAATCAGAGATCCTAGCAAAGGTGTCCGTGTTTGGC
TTGGTACTTTCAACAGTGCTGAAGAAGCTGCAAGAGCCTACGATGTTGAAGCACGCAGGA
TCCGTGGCAAGAAGGCCAAGGTAAACTTTCCAGAGGAACCAACAGTTCCTCAGAAGCGCC
GTGTTCGCCCTGCTCCTCTTAAAGCACCCAAGCTAAGCGCATCACAGGAACCTACCGTCA
TACCAGCAGTCAACAACCTTGCCAACCCAAATGCTTTCGTCTACCCATCTGCTGACTTTG
CATCAAACCAGCCACCTGTTCAGCCTGATAACGTGCCATTTGTTCCTGCAATGAAGTTTG
CTGCCCCTGTTGAAGCTCCTGTTATGAATATGTACTCTGACCAGGGAAGCAACTCTTTTG
GCTGTTCTGACTTGGGCTGGGACTATGAGACCAAGACTCCAGATATATCATCCGTTGCTC
CCATTTCCACCATTGCTGAAGGAGCAGAATCTGCGCTTATCCAGAGCAACACCTACAACT
CAGTGGTGCCTCCTGTTATGGAGAACAATGCTGTCGATTTTGAACCTTGGACGAGGTTTC
TTATGGATGATGGCGTGGATGAGCCGATTGACAGCCTTCTGAACTTTGGTGTGCCTCAGG
ATGTCATTAGCAACATGGACCTTTGGAGCTTCGATGACATGCCCATCTGTGGAGAATTAT
GCTGAGGGATTCAAACCCCTGTATATAAAGACAAAGGGAATAAGACTATGGGAGATTGGG
AAGCACCCTGTTGTCAACTTCGGCTAGCATATGCTTATGTCCAAGCTTAGATGCAAAAAA
GTTGCATCCTGAGTCTCTTTTGTAATCAACCCTTTTCCTAGCTGACTGTCGATGAACCGT
TGTCATTTATGAGTCTGATGAACCGTTGTCTTTATCTTTTGTCAACTTATATGTCGTCGC
TACCATTTCTGAATGTGAATGGCATGGATCTATGTCCAGTTTGCTTTAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 342; HVAP2-2 Hordeum vulgare c62815824hv270303@7626,

seqüência de proteína deduzida

MCGGAILKDLKVPAVTRKVTEAALWPEKKKPRQADGGARRLGLVDGEEDFEADFEEFEAD
SGDSDLELGRGRAAEKDDDEVVEIKPYAAVKRPLSQDDFSIITTAGCDGPAQRSAKRKRK
NQFRGIRQRPWGKWAAEIRDPSKGVRVWLGTFNSAEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPE
EPTVPQKRRVRPAPLKAPKLSASQEPTVIPAVNNLANPNAFVYPSADFASNQPPVQPDNV
PFVPAMKFAAPVEAPVMNMYSDQGSNSFGCSDLGWDYETKTPDISSVAPISTIAEGAESA
LIQSNTYNSVVPPVMENNAVDFEPWTRFLMDDGVDEPIDSLLNFGVPQDVISNMDLWSFD
DMPICGELC

SEQ ID NO: 343; ZmAP2-2 homólogo de AP2-2 de Zea mays c65144673gm030403@12827

CACCATTTCGCTCCCGCAAGCACCGATTTGTTTACTGCTCTCTCCGACGCGCGGCGGCGG
AGCTCCCTACGACGACTGAACCATGTGCGGCGGCGCGATCCTTGCCAACCTCCGCGAGCC
GGCGCCGCGCCGGCTCACAGAGCGGGACATCTGGCAGCAGAAGAAGAAGCCCAAGAGGGG
CGGCGCCGGCGGGAGGCGCTCGTTCGCGGCGGAAGACGATGAGGACTTCGAGGCCGACTT

FIGURA 30

CGAGGACTTCGAAGCCGACTCCAGTGATTCAGATTTGGAGCTCAGGGAAGGGACTGACGA
CGACGTCATCGAGATCAAGCCCTTCACCGCCAAGAGGACTTTCTCCAGAGATGGCTTAAG
CACCATGACTACTGCTGGTTAGCAAGGTCAGCCAAAAGGAAGAGGAAGAATCAATACAGG
GGTATCCGCCAGCGCCCTTGGGGTAAGTGGGCTGCTGAGATCAGAGATCCCCAGAAGGGC
GTTCGTGTTTGGCTTGGTACTTTCAATAGTCCGGAGGAAGCTGCAAGAGCTTATGATGCT
GAAGCGCGCAGGATTCGTGGCAAGAAGGCCAAGGTTAACTTTCCTGATGCACCAGCAGTT
GGTCAGAAGTGCCGTTCTAGTTCAGCTTCTGCTAAAGCACTCAAGTCATGTGTTGAACAG
AAGCCAATTGTCAAAACAGATATGAACATCCTTGCCAACACAAATGCACCCTTCTACCAA
TCTGTTAACTACGCATCCAATTTATTTGTTCAGCATGGCAATATGCCATTTGTTCCAGCA
ATGAACTCTACTGTTTCTTTTGATGATCCTATCATGAATCTGCACTCTGACCAGGGAAGT
AACTCCCTTGGCTGCTCAGACTTGGGCTGGGAGAATGATACCAAGACACCAGACATCACA
TCCATTGCTCCCATTCCCACTATTGCTGAAGGCGATGAGTCTGTATTTGTCAACTCCAAT
TCAAACAGCTCGATGGTGCCTCCTGTCCTGGAGAACAATGCTGTTGATCTCACTGATGGG
CTGACAGATTTAGAATCCTATATGAGGTTTCTTCTGGATGGCGGTGCAAGTGATTCAATT
GATAGCCTTCTGAACCTTGATGGATCGCAGGATGTTGGTAGCAACATGGACCTCTGGACC
TTCGATGACATGCCCATCGCTGGCGATTTCTTCTGAGGAATTTGAAGCTTGGCCATAGGA
CTATGTACATAGGGACTAGGGGAATAAAGACTGGGAGATTGGGAAGCACCTGCTTGGCAC
CTTGGGGGTAGCATATGCTCGTGTCTAGCTCAGATGCAGAAGTCGCATTCTGAAACTCTT
TGGTTATCGACCTGTTCCCTATTTTAACTATCTCTGTATGAGAGCCATTTATGAGACTGA
ACCATTTTGTTTTGCTTTCTTTTCGTTGTTACAATATATGGTTTAACATTATGATTTATG
GATATGTGCCAAATATGGTGCTCAACAGTGGTCAAACATGCCTTTTAGA

SEQ ID NO: 344; ZmAP2-2 homólogo de AP2-2 de Zea mays, c65144673gm030403@12827, seqüência de proteína deduzida

MNILANTNAPFYQSVNYASNLFVQHGNMPFVPAMNSTVSFDDPIMNLHSDQGSNSLGCSD
LGWENDTKTPDITSIAPIPTIAEGDESVFVNSNSNSSMVPPVLENNAVDLTDGLTDLESY
MRFLLDGGASDSIDSLLNLDGSQDVGSNMDLWTFDDMPIAGDFF

SEQ ID NO: 345; TaAP2-2 homólogo de AP2-2 de Triticum aestivum c54788773

GACGAGGCACCGCCGGCAATCATGTGCGGCGGCGCGATCCTCAAGGACCTCAAGGTCCCCGCGCCGAC
GCGGAAGGTGACGGCGGCGGTGCTGTGGCCCGAGAAGAACAAGCCCAAGCGGGCCGACGGCGGCGCCC
GGCGCCTCGCGGGGCTCGGCCGGCGCGGGGGGCTCGGGCTGGACGACGGCGACGCGGACTTCGAGGCC
GACTTCGAGGAGTTCGAGGCCGACTCCGGGGACTCCGACCAGGAGCTCGGGCGCGCCGGGGTGGCTGA
GAAGGACGGCGACGACGAGGTCGTCGAGACCAAGCCCTTCGCCGCCGTCAAGAGGTCCCTCTCCCAAG
ATGACTTAAGCACCATGACCACTGCTGGTTTTGATGGTCCTGCACAAAGGTCAGCAAAAAGGAAGAGA
AAGAACGAATTCAGGGGTATCCGCCAGCGCCCCTGGGGTAAGTGGGCTGCTGAAATCAGAGATCCTAG
CAAGGGTGTCCGTGTTTGGCTTGGTACCTTCAACAGTGCTGAAGAAGCTGCAAGAGCTTATGATGTTG
AAGCACGAAGGATCCGTGGCAAGAAGGCCAAGGTTAACTTTCCAGAGGAACCAACAGTTCCTCAGAAG
CGCCGTGCTTGCCCTGCTGCTCCTAAAGTTCCCAAGTCAAGCGCAGCACAGGAACCTACCGTCATACC
AGCAGTCAACAACCTTGCCAACCCAAATGCTTTCGTCTACCCGCCTGCTGACTTTGCATCAAAGCAGC
CACTTGTTCAGCCTGACAACGTGCCATATGTTCCCTGCAAT

FIGURA 30 (Cont.)

SEQ ID NO: 346; TaAP2-2 homólogo de AP2-2 de Triticum aestivum, c54788773 seqüência de proteína deduzida

MCGGAILKDLKVPAPTRKVTAAVLWPEKNKPKRADGGARRLAGLGRRGGLGLDDGDADFEADFEEFEA
DSGDSDQELGRAGVAEKDGDDEVVETKPFAAVKRSLSQDDLSTMTTAGFDGPAQRSAKRKRKNEFRGI
RQRPWGKWAAEIRDPSKGVRVWLGTFNSAEEAARAYDVEARRIRGKKAKVNFPEEPTVPQKRRACPAA
PKVPKSSAAQEPTVIPAVNNLANPNAFVYPPADFASKQPLVQPDNVPYVPCN

FIGURA 30 (Cont.)

SEQ ID NO: 347; ZmNAC1 homólogo de NAC1 de Zea mays c58553294gm030403@3368

GGGACACACACGCAGATCCGAGCTAACCACCATCGACGAGCGCCAGCGCCAGCAGCCGAG
CCGGATCGACCTTTTCTTTTTTCTTTTACACAGCGGGACAGAGAAAGGAGTCAGGCAGCC
AAAGCCACCCACCGCTTTTACCAACCGATCGTCCGATCGGCGTTGCCGCCACCGCTAGCA
TTGTCGGCTTCAGCTCCATCCAAATCCACCGCCAGCAAGCAAGCCGGCGCCATGGGTCTG
CCGATGAGGAGGGAGAGGGACGCGGAGGCGGAGCTCAACCTGCCGCCGGGGTTCCGGTTC
CACCCGACGGACGAGGAGCTGGTGGCGCACTACCTCTGCGCGCGCGCCGCGGGGCGCCGC
CCGCCCGTGCCCATCATCGCCGAGGTCGACCTGTACCGCTTCGACCCCTGGGACCTGCCG
GAGCGCGCCCTCTTCGGGCGCCGCGAGTGGTACTTCTTCACGCCGCGGGACCGCAAGTAC
CCCAACGGCTCCCGCCCCAACCGCGCCGCCGGGTCGGGCTACTGGAAGGCCACGGGCGCG
GACAAGCCCGTGGAGCACGGGGGCCGGACGGCGGGGATCAAGAAGGCGCTCGTGTTCTAC
CACGGCAAGCCGCCGCGCGGGGTCAAGACGGAGTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCC
GAAGCCGGCGGCGCCCGCGCCAAGAAGTCCGGCGCCGGCACGCTCAGGCTGGATGACTGG
GTGCTGTGCCGCCTGTACAACAAGAAGAACGAGTGGGAGAAGATGCAGCAGCAGAAGGAG
AAGGAGAGAAGAAGGCGATGGAGTCGGAGGCGTCGCTCTCGCACTCCCACTCCGACACGC
GGACGCCGGAATCGGAGATCGACGACGACCCGTTCCCGGAGCTGGGCTCTCTGCCGGCGT
TCGACGACATGGGCCCAGCCCCAGCAGCAGCAGCCCCTGCCGGCGTCGTCCTGCCCAAGG
AGGAGGTGGAGGACTTCGGCGACCTCGGCGGCGACGACTGGCTCGCGGGCATCAACCTCG
ACGACCTGCAGATGCCGGGGGACGCCGCCGATTTCTACGGCTCCATGCTCGTCTCGCCGA
TGGCCGCCAAGATGGAGCCGGACGGCGGCTTCCCCTTCTTCTGAGATCCTTCGGCGACTC
CGGGGACGACCGGATGCAGCGCAACGCAAACTGTGTATAGTTCAGATTTTCTTCATGGAA
CCAACAACAACAACAAAAAAAGTTCTGCTAATATCTTGTTCTAGTGGTGTAGTGCAGAAG
TAGCAGCAGGCATGATTGAAGTTCCATTGTAGTACTGATGTTCATCGCCACTTGATCTGT
GACAAGTGACGGCATTCTTTCGTTTCTTGGCTGCAAATTCTTCGTTGTTCAGAATATAAT
TTCAGATGGGTAATGCCAA

SEQ ID NO: 348; ZmNAC1 Zea mays c58553294gm030403@3368 seqüência de proteína deduzida

MGLPMRRERDAEAELNLPPGFRFHPTDEELVAHYLCARAAGRRPPVPIIAEVDLYRFDPW
DLPERALFGRREWYFFTPRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPVEHGGRTAGIKKAL
VFYHGKPPRGVKTEWIMHEYRLAEAGGARAKKSGAGTLRLDDWVLCRLYNKKNEWEKMQQ
QKEKERRRRWSRRRRSRTPTPTRGRRNRRSTTTRSRSWALCRRSTTWAQPQQQQPLPASS
CPRRRWRTSATSAATTGSRASTSTTCRCRGTPPISTAPCSSRRWPPRWSRTAASPSSEIL
RRLRGRPDAAQRKLCIVQIFFMEPTTTTKKVLLISCSSGVVQK

SEQ ID NO: 349; homólogo de NAC3 de Hordeum vulgare c62818592hv270303@4035 revcomp

TTTCATATGCAGTAGCCGTCTTCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTGCCTTCCAGCTAGCTCAC
TATCGCATCATCCACACCACACCTACTACTCATACCGATTCCGTTCCCACCCGCTCGCCA
TCGCCATGCCAATGGGCAGCAGCAGCAGCAGCGCCGCCATGCCGGCCCTCCCTCCCGGCT
TCCGGGTCCACCCCACCGACGAGGAGCTCATCGTCCACTACCTCGGCAGGCAGGCCGCGT
CCATGCCCAGCCCCGTGCCCATCATCGCCGAGGTCAACATCTACAAGTGCAACCCATGGG

FIGURA 31

ACCTCCCCGGCAAGGCCTTGCTTGGGGAGAACGAGTGGTACTTCTTCAGCCCCCGGGATC
GCAAGTACCCCAACGGCGCGCGCCCGAACCGCGCCGCCGGGTCCGGCTACTGGAAGGCCA
CCGGCACCGACAAGCCCATCCCGCCCAGGGAGAGCGGCGGCAGGACCGTCGGCATCAAGA
AGGCGCTCGTCTTCTACTCCGGCAGGGCGCCCAGGGGCGTCAAGACCGACTGGATCATGC
ACGAGTACCGCATCGCCCAAGCCGACCGCACACCCGGCAAGAAGGGATCCCTCAAGCTGG
ACGAATGGGTGCTGTGCCGGCTGTATAACAAGAAGAACAACTGGGACAAGGTCAAGGTGG
AGCAGGACATGGCTGTGGTGCAGGGACAGAATGGGGAGGTCATGGACGCGCTGGCCACCG
ACGCCATGTCCGACAGCTTCCAGACGCACGACTCCTCGGAGATCGACAACGCCTCCGGCC
TGCAGCAGCAGCACCACGGCTTCATGGACATGGCGCAGCGGCAGGCCAGGGAAGGCATGG
TGACGGTCAAGGAGGACAGCGACTGGTTCACCGGCCTGAGTATGGACGACCTGCAGACTT
GTTACATGAACATGGGGCAGATGGTGAATCCAGCGGCGATGCCTGTGCACGACGGCAGCG
GCTATCTGCAGTCGATGAACTCGCCTCAGATGATGAGACCCATGTGGCAAACAATCTTGC
CACCATTCTGAGATGGAAGAAGAAAGATATGGTGTAAATTATGTTTGAAATAGAAGTGAT
TAGACAAATACTTACTTTGAACTAGAAAGAGATAGAAATTTCCCAGGCATGATTCTGAAG
ATGTGGTGGTAGGCTTGTAGCAGTATTTATTCTTTGGTTTCGATCTATAAATTTGGTATT
CTAAACAAACATGTAATTTTATTCCCATATCATCTCAAGTCTAAGAAAAAAAAAAAAAAA
AA

SEQ ID NO: 350; homólogo de NAC3 de Hordeum vulgare, c62818592 hv270303@4035 seqüência de proteína deduzida

MPMGSSSSSAAMPALPPGFRVHPTDEELIVHYLGRQAASMPSPVPIIAEVNIYKCNPWDL
PGKALLGENEWYFFSPRDRKYPNGARPNRAAGSGYWKATGTDKPIPPRESGGRTVGIKKA
LVFYSGRAPRGVKTDWIMHEYRIAQADRTPGKKGSLKLDEWVLCRLYNKKNNWDKVKVEQ
DMAVVQGQNGEVMDALATDAMSDSFQTHDSSEIDNASGLQQQHHGFMDMAQRQAREGMVT
VKEDSDWFTGLSMDDLQTCYMNMGQMVNPAAMPVHDGSGYLQSMNSPQMMRPMWQTILPP
F

SEQ ID NO: 351; TaNAC4 homólogo de NAC4 de Triticum aestivum c54272640@10467

GCAGCTAGAACTGCGGCGAGCTGATCCAGCTGAGAGAACTACAGCGAGGTTTGTTGGATC
GCCGACCCGACCGGAGATGAGCGGCGGACAGGAGCTGAATCTGCCGCCGGGCTTCCGGTT
CCACCCGACGGACGAGGAGCTGGTGACGCACTACCTCTGCCGCCGCTGCGCCGGCGCGCC
CATCGCCGTCCCCATCATCACCGAGATCGACCTCTACAAGTTCGACCCCTGGCAGCTCCC
AAAGATGGCGCTGTACGGCGAGAAGGAGTGGTACTTCTTCTCCCCGCGGGACCGCAAGTA
CCCCAACGGGTCCAGGCCCAACCGGGCCGCCGGGTCCGGCTACTGGAAGGCCACCGGGGC
CGACAAGCCCGTGGGCACCCCCAAGCCGCTGGCCATCAAGAAGGCGCTCGTCTTCTACGC
CGGCAAGGCCCCCAAGGGCGAGAAGACCAACTGGATCATGCACGAGTACCGCCTCGCCGA
CGTCGACCGATCCCGCCCCGCAAGAAGAACAGCCTCAGGTTGGATGATTGGGTGCTGTGC
CGCATCTACAACAAGAAGGGCGGCATGGAGAAGCCGGCGGCCGTGGACCGGAAGCCGGCG
GCCATGGGCGGCTACGGGGGTGGCCCTGGGGCCATGGCGAGCTCCCCGCCGGAGCAGAAG
CCCGTCATGGGGATGAACGCCAACGGCGGCGGCGGCGGCGCGCAGCCGTTCCGGGACTTC
GCGGCGTACTACGACCGGCCGTCCGACTCGATGCCGCGGCTGCACGCGGACTCGAGCTGC
TCGGAGCAGGTGCTGTCGCCGGAGTTCCCGGCGGGGAGGTGCAGAGCCAGCCCAAGATCA
GCGAGTGGGAGCGCTCGTTCGCCTCCGGCGGCGACCCCGTGAACCCGGCGGCCGGCTCCA

FIGURA 31 (Cont.)

TGCTCGAGCCCAACGGCGGCTTCGGCGGCGACCCGCTCCTCCAGGACATCCTCATGTACT
GGGGCAAGCCGTTCTAGGCAGCGAAGAAACCGATCGGTCGGTCGAAGCGAGTACCTCCTA
TCCTTGGCGTTTGGGGCGATGAAACGGGCGAGCCGCCATTGTTGACCTGATGAAGGGGAG
ATAAATTTAAGAAGATATTAGACGGGAGATAAGACAAAATCAGGTGCTTGATGACGACGA
CGACGACGGCGAAGATCGGAAGGTGGCGGCGATGATACCGTGGGTCCCCGGCCTCTCACC
AGCATGACATGTGACCGACGACGCCCAAGATGCTTCAAAGCGTTCGCCGCATTGCATCAT
CGGGCGGGCGGTCGTGCGCTAGCAAGCATGCATGTGCGTGTATATGGATGGGTGTACATA
CATGGAGATCATGATTGGTTCGGTGCAGGGGTTGCTGTTTCTTGATTGGTTAGTTGTAAT
ATTTTTTTTTTTTTGCGGGTGAGTTGTAAGGGTTTATTGATAAGTTGATACCATACCATA
CCAGTGCTAGCCGCCGTGCGTGGTGCTGGCTAGCTGTAGTCCGAGTGGTAGTAGTGTAAC
TGTAAGCCATTCATCAAATGAAACTGAATATATTATCTGCCCTCAAAAAAANAAAAAAAA
AAAA

SEQ ID NO: 352; TaNAC4 Triticum aestivum c54272640@10467, seqüência de proteína deduzida

MSGGQELNLPPGFRFHPTDEELVTHYLCRRCAGAPIAVPIITEIDLYKFDPWQLPKMALY
GEKEWYFFSPRDRKYPNGSRPNRAAGSGYWKATGADKPVGTPKPLAIKKALVFYAGKAPK
GEKTNWIMHEYRLADVDRSRPARRTASGWMIGCCAASTTRRAAWRSRRPWTGSRRPWAAT
GVALGPWRAPRRSRSPSWG

SEQ ID NO: 353; homólogo de NAM2 de Zea mays, 65089172_MILHO

cttgacgtctaccagctgcataataacttggttcagaagaagaagatggacgctttcaca
catgttcctcccggctttcgtttccaccctaccgacgaggaactcgttgactactacctt
aggaaaaaggtagcactgaagaagatagatttggatgtgataaaagatgtggatttgtac
aagattgagccttgggatctgcaagaaaagtgcaggattggaagcgaagagcagaacgag
tggtacttcttcagccacaaggacaagaagtacccaaccggcactcgcaccaacagagcg
acgacggccggtttttggaaggccacggggagagacaagccgatctacgtgaagaactgc
ctcgtagggatgaggaagacactggttttctacaaaggccgggcgcccaatggacagaag
tcagactggatcatgcacgagtatcgcctggagaccaacaacaatggaattccacatgag
gaaggatgggttgtatgcagggtgttcaggaagcgactcgcgactgtccaaagaatggtc
ggggactcgccttactggttcaatgaccacgcggggttcatggcgccggagctcggctca
ccgaggcaggcggcgcaccatcagcagaacgtcatgatgtaccacaggcaacagagcagc
tacagctacccttgcaaggtggagctggagtaccaccacctccttcctcaggagcacttc
ctgcagcagctccctcagctggagagccccaagctccctgaccttattggccaagtagac
actactctccagccagcatgcggccttacacaggagcatggtgcccctcgctacaccatg
caggagcttcaggccgagcctctctatctggcgactggcggggacacagattggcgagct
ctcgacaagttcatggcgtcccagcttagccacggagacatcacccctaataaggagtca
gctaactactccaatccggcactgcaggtgattcagcagtctgaagagaaagaagaggcc
ttggactacgtgtcaacgtcagcctcctgtggaggggacaatgatttgtggaaataacag
cgtcaatggtaatacatattcacatacgcactaaatcactggactagtgcattattccct
cattacacagttaataacattgaggcgtgctggatgtaatgtaacgtagtatataaagta
gccaactgattcatgtgtcatggtatagtagaatggtatgtgcataacaaagtgtaaccg
agtaggtcacacgtccatgcataagttggcataatgtctggtgttaataataaggttagc
taacagctgaagctaaggagcttcagcacctgatttgacaaaaaaaaaaaaaa

FIGURA 31 (Cont.)

SEQ ID NO: 354; homólogo de de Zea mays NAM2, 65089172_MILHO seqüência de proteína deduzida

MDAFTHVPPGFRFHPTDEELVDYYLRKKVALKKIDLDVIKDVDLYKIEPWDLQEKCRIGS
EEQNEWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATTAGFWKATGRDKPIYVKNCLVGMRKTLVFYKGRA
PNGQKSDWIMHEYRLETNNNGIPHEEGWVVCRVFRKRLATVQRMVGDSPYWFNDHAGFMA
PELGSPRQAAHHQQNVMMYHRQQSSYSYPCKVELEYHHLLPQEHFLQQLPQLESPKLPDL
IGQVDTTLQPACGLTQEHGAPRYTMQELQAEPLYLATGGDTDWRALDKFMASQLSHGDIT
PNKESANYSNPALQVIQQSEEKEEALDYVSTSASCGGDNDLWK

SEQ ID NO: 355; HaNAM2 Helianthus annuus 66785923_ GIRASSOL,

cttgcttttgtgttgatatgtctaaagaagaagtgaatttgtctgtgaatgtaaatggtc
agtctaaagtgcctccagggtttcggttccaccctaccgaagaagagcttcttcattact
acttaaggaagaaagtcgcgtatgaaaagatcgatcttgatgttattcgtgatattgatc
ttaacaagctcgaaccatgggatatcaaagaaaagtgcagaattggatcaaccccgcaaa
acgattggtatttttttagccacaaagacaagaaatacccgactggaacgcgtacaaatc
gtgcaactgctgcaggtttttggaaagccaccggtcgagataaggtcatttatagtagca
tgagaagaatcggtatgaggaagacactcgtgttctataaaggaagagcacctcatggac
aaaagtcggattggattatgcacgaatatagactcgatgacaacacgattatctcccagg
attatgcctcaggttctaatttatgtgattccactcaagaagacgggtgggtcgtatgtc
gcgtttttaaaaagaaaaactaccataaagcggttgagagtccccaaaggtcatcatcag
caccttccattgattcaacagctcaaatgcaatctttaaagaaagatggaactcaacttc
ttgcatacatcaatggtactaaatcctgcaagcaagaaaccgaatcactcgccaatatag
caaccacccatgactatgacccttgcaacaattcatcaacccgataagcgacagattcc
tacacctcccaaggctccacaacacttcaagtgacttgatcacgtcagccacctttgatc
aagattcaatctttccggcccataacaccatgactcatttgctaacggaagttgaacatt
ctaggaatcataaacatcttgaaaactggtcagatgtggatcgactcgtggcctcccaac
tcaatggccaaccgcgatcatccaggcagatgtacggttgctacgacgaacccaatgaag
acatatgcttctcacttcaccatgatgatcagcaagaaccaccacaaccatcatccatgg
ctaaacccaaccaagcagcctatacaagcgagatagatatatggagctttgcacaatctt
catcacaatcatcatcaccggatccattttaccatttgtcggtatagttcacataagtaa
tatacttttactttatggaaaatacagatggaataaactgttatatatacttggatgta
tatatagtctctttaattagctgggtgggttatggatcttgatgtgaagtgaaaggtcat
gacttatgaatgtattgtgtttgatgcaaaaaaaaaaaaa

SEQ ID NO: 356; HaNAM2 Helianthus annuus 66785923_ GIRASSOL, seqüência de proteína deduzida

MSKEEVNLSVNVNGQSKVPPGFRFHPTEEELLHYYLRKKVAYEKIDLDVIRDIDLNKLEP
WDIKEKCRIGSTPQNDWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATAAGFWKATGRDKVIYSSMRRIGM
RKTLVFYKGRAPHGQKSDWIMHEYRLDDNTIISQDYASGSNLCDSTQEDGWVVCRVFKKK
NYHKAVESPQRSSSAPSIDSTAQMQSLKKDGTQLLAYINGTKSCKQETESLANIATTHDY
DPLQQFINPISDRFLHLPRLHNTSSDLITSATFDQDSIFPAHNTMTHLLTEVEHSRNHKH
LENWSDVDRLVASQLNGQPRSSRQMYGCYDEPNEDICFSLHHDDQQEPPQPSSMAKPNQA
AYTSEIDIWSFAQSSSQSSSPDPFYHLSV

FIGURA 31 (Cont.)

SEQ ID NO: 357; GmNAM2 homólogo de NAM2 de Glycine max, GM02LC19289_SOJA

tcacctcatcatctatcattatatctttctttcaattcctatcctcttccttgtagtgta
cccattttgaatgtgttctctctctctctctttctttaggtccctggtgaatatctag
aaccactctctagctagtttctctcttcttgctagctagctatcgccgatcactctcttg
gtttaaaccacctgaatgccggaaaacatgagcatatcagtgaatggtcaatctcaagtc
cctcctggcttcaggtttcatccaactgaagaagagcttcttcagtactacttgaggaag
aaggtctcttacgagaagattgacctcgacgtgattcgtgacgttgatctcaacaagctc
gagccatgggacatacaagagaaatgcaaaataggaaccactccgcagaatgattggtac
ttcttcagccacaaagacaagaagtaccccacaggaacgcgcaccaatcgcgcaactgct
gcagggttctggaaggccactggccgcgacaaagtcatctacagcaatggaaagaggatt
ggaatgagaaagactctggttttctacaaaggaagagcgccacatggccagaaatccgat
tggatcatgcatgaatacagactagacgacaacaacaccaccgacaccaatattgtgtcc
aatgtgatgggggatgctgctcaggaagaagggtgggtggtgtgcaggatattcaagaag
aagaaccatctgaaaaccctagacagccccttagcttcaggggaagatagaaggagccac
ttgttcgactcgtgcgacgagggagctttggagcaaatacttcagcaaatgggaaggggt
tgcaaggaggagagcagctatgaaggcaactacaacagctatggaaggtttacaaggccg
tatgagacaacagcggcgaacaatggcggcggatacaatgataggttcatgaagctcccg
agcctcgagagcccaaaatccgcaagcatggagaaccaccacaacaccaacaacaacaat
aacatgaatagtaataataataataatggtgataacaacgagaacaacaataataatggg
taccatcccataattccagtagagatgggcacggacaatgaagggacattcacaacgcac
caggtgagtggtggtgacccaaacaacaacaacaacaacagcaacattgttcatccattg
gaggtaggatcaggtggtggaggcctcaccaactgggctgcgctggaccgtttagttgca
tctcaactcaatggccaaaccgatgcctctaggcaactaggatgtgctttcaacgacccc
accatgtattgcaccagcgtcgaccatcatgatcttcatcatcaaatccccaccctccga
tcctcatcaacgtccgctaacacacgaccttcccctgcacccgcattcatcaacccccca
acacaggacttcaccagcgagattgacctttggaacttctcccgatccacgtcctcactg
ttggcatcctccgaaccactgtgccacgtgtccaacacgtcagtgtagcgagatcaataa
aataataatataaaaaaaaatatctcaagtccccctttcctccatgttcgattgttaaa
tatagaaataattagcccctacttcatcacatatcatgtttaatatttaatattagttct
tcttctctcaagtctcagaggattattattacagactttaaatgtgataattctcctagt
atacatttttactttaattagcttatttcgactcaaaaaaataatattccattgacaatt
gtctcttgtaaatcttaatt

SEQ ID NO: 358; GMNAM2 homólogo de NAM2 de Glycine max, GM02LC19289_SOJA seqüência de proteína deduzida

MPENMSISVNGQSQVPPGFRFHPTEEELLQYYLRKKVSYEKIDLDVIRDVDLNKLEPWDI
QEKCKIGTTPQNDWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATAAGFWKATGRDKVIYSNGKRIGMRKT
LVFYKGRAPHGQKSDWIMHEYRLDDNNTTDTNIVSNVMGDAAQEEGWVVCRIFKKKNHLK
TLDSPLASGEDRRSHLFDSCDEGALEQILQQMGRGCKEESSYEGNYNSYGRFTRPYETTA
ANNGGGYNDRFMKLPSLESPKSASMENHHNTNNNNNMNSNNNNNGDNNENNNNNGYHPII
PVEMGTDNEGTFTTHQVSGGDPNNNNNNSNIVHPLEVGSGGGGLTNWAALDRLVASQLNG
QTDASRQLGCAFNDPTMYCTSVDHHDLHHQIPTLRSSSTSANTRPSPAPAFINPPTQDFT
SEIDLWNFSRSTSSLLASSEPLCHVSNTSV

FIGURA 31 (Cont.)

SEQ ID NO: 359; ZmNAM2 homólogo de NAM2 de Zea mays, ZM02LC45780_MILHO

tgacaacctgttactggatcattgtgatttttagcgcgaatagcacgagcgcaaaacgat
atcaggtacttacaattgtttgcaaagtgacgaagaacatacaaggtgacatgaccacaa
ttgtttgcagtgttgacacgagtgggctcacacaatagacaatacatatgtcgcacttcg
atcccgtcctcttaacaaccagagcacaggaccgcatttaccatgggggtataccgtgtt
cgatatcaagaggccgcggtgcggtgctttgaccggctagttgtcggattgcatgctcct
gagcatgttcaggatggagaggaacaggttcaggatgtcgaggtacagcccaaccgacgc
ccagatgtactcgtcgtaggtgtggcgcttgatcaggttctcggtgtcgtacaggatgaa
gcctgagaagaccagagcccctagaccaccgaacaagcccaccgacacgggtcacagtgg
gaagaaaacctgcagcgcagaattccacacagaaccaaataaaagtttattgtgcaagca
gtggattgctcgtctggtaacaaagcatcattcgcggatatacagagcgcgtttctttca
gagcttgtcgtaggcattacctgaagaaagctagttaggacgaggatagtaagcgcggaa
gacaggataggccccaggtacccgaattccttgcccttctttgacgcccagaaagcatac
gcagtcagagaaaccaccacgccagccgtcagcactaaagcctccagaacgattttccct
tgggtgttagcacaagccacgccgatgctgaagctcaagcacaacgtgaacagacccagg
aaaacggaattgtgtgggtgcttgtgctgataatgatacaatgggatcatcaggatgaag
ggcaggacggcgagcacgagcgcgaggcccggggagtcggagagcgtggcgttgagggtg
gggtggagaacggtgagggcggagacggcggtggtgaggagcagctgcgcagcgaggatg
ccgtagaccttgcggacgaagccccatcggagggcgctctccccgcgcgagatccccggg
tacagcgtctccccggtcccggcctccaggtccaccaccgacgcctccaccttctccttc
atctccggcgcgcggcggtaccccgccggcgcgaggggctgcatctccgccaccgatgcc
atctctctctccgacgggggttgggtgcggtgcggtgcggggaaggggaaacccacgcgt
ccgcccacgcgtccgcccacgcgtccgcccacgcgtccgcccacgcgtccgcccacgcgt
ccgcccacgcgtccgcccacgcgtccgcggacgcgtgggatcgtcttcctcccctcacat
cctctggcctctggtcctccaccgtcctgctagccagagctgctcttgtacgcgcagctg
gcctctgtgcatatcaccagcacaccgcgcaggggaaggaaattaacaagagaaaaggca
aggagagcaggcaggcaaggaagctgcagaagccaaggaaggagaaggaggatcatcaat
gagcatctcggtgaacgggcagtcgtgcgtgccgccggggttccgcttccaccccacgga
ggaggagctgctcaactactacctccgcaagaaggtggcctcccaggagatcgacctcga
cgtcatccgcgacgtcgacctcaacaagctcgagccatgggacatccaagagaaatgcaa
gatcgggtcgggtccccagaacgactggtacttcttcagccacaaggacaagaagtaccc
gacggggacgcgcaccaaccgcgccacggccgccgggttctggaaggccaccggccgcga
caaggccatctacaacgccgtcaagcgcatcggcatgcgcaagacgctcgtcttctacaa
gggccgcgcgccgcacggccagaagtccgactggatcatgcacgagtaccgcctcgacga
ccccgctgctgctgctgctggatccggtgatgccgtggccaacgacgacgcagccgc
cacggctgctgctgctgccgccgcgtcgtcggacggcgggcaggaggacggctgggtggt
gtgcagggtgttcaagaagaagcaccaccacaaggagtcaggtgggggcgggggcaacaa
gcacggcagcagtaacagcgagcatgggcacggcggcgccggcaaggcatcggctgcggc
tgcggctgcggcgcaccagcaccagcaccatggaggcctgcagtactcctccagcgacga
ggcgctggaccagatcctgcagtacatgggcaggtcgtgcaagcaggagcacgagctggt
gtcgccggcgccggcgccgccgggacgggcggcggcgtccaggtacctccggcccatcga
gaccgttctgggcgggcacgcgttcatgaagcttcccgcgctcgagagcccgtcccagcg
ccaagcccaccaccaggagcgcgcgagtacgccgccgccggctgggacgacgacgacgcg
ctggaccgcctcgccgcctacgaccacctcaacggcctctccaacgacgacgcgtccaag
aacatggccgcgttcttcgacgtcgagcctagcgccgccgccgccgccgccgtggacggc

FIGURA 31 (Cont.)

gacctgtggagcctcgcacggtccgtgtcggcgctgcacgcggacttgaccatgaacaac
gtctagcttctgggtcccgaccaacaacaacagggccccgaatccccgatacacatccat
atggcgtgtgcacgcatgcatgcatgcattgcatgccgcgcgcaccactaaccactcgac
cagcatgcatgcatacgtgcgcaccccaccggcgcccgcggccgctagtgcgtcgtgctc
ccgtagtgcgtgcatgcatggccgccgcacgtacgtattgcacgctcgctcgcgcgtacg
tacgtacgtgcgcgaataagctagctagccctaggatcggaaacatatgtatgcatccat
tgcatggccggatatacatcaggagctgctgccgctggtgtatgtccgccgccgtccaaa
ctccaaagtgagctgagatcgatcgatcgagctcgctcgctccaggtgtgcagtacgtac
gtacgtaagcgcctgtgtatgtgtaagcagacagcgtggtagtagctctagctagtagaa
catacttacacacactatatactgcataccgtttgtacctatcatatatagattactact
gtattattgcaaaccgctttgggggtttaaaaaaaaaaaaaaaa

SEQ ID NO: 360; ZmNAM2 homólogo de de Zea mays NAM2, ZM02LC45780_MILHO seqüência de proteína deduzida

MSISVNGQSCVPPGFRFHPTEEELLNYYLRKKVASQEIDLDVIRDVDLNKLEPWDIQEKC
KIGSGPQNDWYFFSHKDKKYPTGTRTNRATAAGFWKATGRDKAIYNAVKRIGMRKTLVFY
KGRAPHGQKSDWIMHEYRLDDPAAAAAAGSGDAVANDDAAATAAAAAAASSDGGQEDGWV
VCRVFKKKHHHKESGGGGGNKHGSSNSEHGHGGAGKASAAAAAAAHQHQHHGGLQYSSSD
EALDQILQYMGRSCKQEHELVSPAPAPPGRAAASRYLRPIETVLGGHAFMKLPALESPSQ
RQAHHQERASTPPPAGTTTTRWTASPPTTTSTASPTTTRPRTWPRSSTSSLAPPPPPPWT
ATCGASHGPCRRCTRT

SEQ ID NO: 361: GmNAM2 homólogo de de Glycine max NAM2, 50450638_SOJA

ggcattggatcatttgtggcttgtaccgaactctgaatgccggagatgaagatgagcata
tgtgtgaatggagaatcccaagtccctccaggcttccggtttcatccaaccgaagaggaa
ctgttgcagtactatttgaggaagaaggtgtccaacgagaagatcgacctcgacgtgatt
cgcgatgttgatctcaacagactcgaaccatgggacatacaagagatgtgcaaaatagga
agcagcccacaaaacgattggtacttgttcagccacaaggacaagaagtaccccacggga
agccgcaccaaccgcgccatcattgttgggttctggaaggccacggggcgcgacaaggtc
atatatagcaacgggaagataattggaatgagaaaaacattggttttctacaaagggcgt
gcccccaatggccaaaagtctgattggatcatgcatgaatacaggctagacgacattaat
aacaccaatgagatggaacacgggtgggtggtctgtagagttttcaagaagaagaatgtc
cctctcaaaaccctagatagcccaaaatccatgaccatgaatatgtttacagaaagcgac
tactgtggaggcttcactaactgggaatcccttgatcagcttgtggcatcacaactgaat
ggacaaactgagacatattgcagtgatttgcaattccccgcatttctatcatcctcatac
attgctacaacaacacacattgctcccacaatacaggattaccccagctacgacattgac
ctgtggaaccactgtgcttcgcgcgtgtccaacactccaaatgtaacactctaatcaaat
ccttcttttaatttcttcccatgtcagattattactactattaaatcatccctaaaatat
tcattttcaaaaaaaaaaaaaa

FIGURA 31 (Cont.)

SEQ ID NO: 362: GmNAM2 homólogo de NAM2 de Glycine max , 50450638_SOJA seqüência de proteína deduzida

MPEMKMSICVNGESQVPPGFRFHPTEEELLQYYLRKKVSNEKIDLDVIRDVDLNRLEPWD
IQEMCKIGSSPQNDWYLFSHKDKKYPTGSRTNRAIIVGFWKATGRDKVIYSNGKIIGMRK
TLVFYKGRAPNGQKSDWIMHEYRLDDINNTNEMEHGWVVCRVFKKKNVPLKTLDSPKSMT
MNMFTESDYCGGFTNWESLDQLVASQLNGQTETYCSDLQFPAFLSSSYIATTTHIAPTIQ
DYPSYDIDLWNHCASRVSNTPNVTL

SEQ ID NO: 363; ZmNAM2 homólogo de NAM2 de Zea mays, ZM06LC18271_MILHO

ggtcgtctaaaaaagcagcagctgctcttctcttctgctagcagctttatttgcctgcct
ccctaccggcgagggaggtacgtgcgccgatcgagaagcagcagcagcaattaataacta
aacatggatcaggcggcggaggagtcttgtgttcccccaggcttcaggttccaccctacg
gaggaagaactggtgggctactaccttgccaggaaggtggcctcccagaggatcgacctc
gacatcatccaggaggtggatctctacaggatagagccatgggatctgcaagagcggtgc
aagccgcagcacgccggcggtgggcacgacgagcagacacaggagtggtacttcttcagc
tacaaggaccgcaagtaccccagcgggacgaggacgaaccgcgccacggcggccggcttc
tggaaggccaccggcagggacaaaccggtgctgtcgtcgtccaccaggaccaccaggtgt
agcagggtcatcggcatgaggaagacgctggtgttctacaagggcagggcacccaacggc
aggaagagcgactggatcatgcacgagtaccgactccaatccaacgagcacgcaccggcg
caggaggaaggctgggtggtgtgccgcgctttccagaagcctatccccaaccagcggccc
ttcttccccaccagctacgccggctactacgaccacaacctctcaacgacggcacggctg
cacgtagacggcgaccgccatttcctggcgggctcatcagcagcagcagcagcactgcta
cagcagccaccagggcttgcaggcagcagcttcccgcagctgtactccgacgacgacttg
gagtccaagaagcagctgttgagtatcccgccgctggagagccccactgccatggcctgc
tgttccgacgccggcggctacgcgcagagaagcagctacgatgaacatgagatgatgatg
atgatgatccagcagggaggaggaggaggagagcaagctgcagccgccatcgactggaac
tttctggacagcctgctgtccgcgacgtcgcaactccatgggccctcgggatccttgttg
cagtgacctccggccatcgtcgatcgatccatctttctttgatccagcggagaacattat
tcattcatcggcattatacaatatatttattagttgcatacacacacagagtatacgtat
atgctaataattcagatgtgttcatacacacttccattgtcatgtgtagttcgttgcgac
ttacattacagactgccttagatgattcaggtatactgtatacaacatgatgcacagtat
agtaggagtaagtgcaccagtctcagcagctggtagctagctagctatgtaaaattcctc
cttaattacagctatgtaacatatatatacagttattattacttactgatatgatctatc
tatcaaaaaaaaaaa

SEQ ID NO: 364; ZmNAM2 homólogo de NAM2 de Zea mays, ZM06LC18271_MILHO, seqüência de proteína deduzida

MDQAAEESCVPPGFRFHPTEEELVGYYLARKVASQRIDLDIIQEVDLYRIEPWDLQERCK
PQHAGGGHDEQTQEWYFFSYKDRKYPSGTRTNRATAAGFWKATGRDKPVLSSSTRTTRCS
RVIGMRKTLVFYKGRAPNGRKSDWIMHEYRLQSNEHAPAQEEGWVVCRAFQKPIPNQRPF
FPTSYAGYYDHNLSTTARLHVDGDRHFLAGSSAAAAALLQQPPGLAGSSFPQLYSDDDLE
SKKQLLSIPPLESPTAMACCSDAGGYAQRSSYDEHEMMMMMIQQGGGGGEQAAAAIDWNF
LDSLLSATSQLHGPSGSLLQ

FIGURA 31 (Cont.)

RESUMO

"MÉTODO PARA INTENSIFICAR CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS AO RENDIMENTO EM PLANTAS, PLANTA OU PARTE DA MESMA, CONSTRUÇÃO, USO DE UMA CONSTRUÇÃO, PLANTA, PARTE DE PLANTA OU CÉLULA VEGETAL, MÉTODO PARA A PRODUÇÃO DE UMA PLANTA TRANSGÊNICA, PARTES COLHÍVEIS DE UMA PLANTA, PRODUTOS, USO DE UM ÁCIDO NUCLEICO, MOLÉCULA ISOLADA DE ÁCIDO NUCLEICO, E, POLIPEPTÍDEO ISOLADO"

A presente invenção se relaciona a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão de um tipo particular de fator de transcrição NAC em plantas. O tipo particular de fator de transcrição NAC é um tendo uma seqüência de aminoácidos, que quando usada na construção de uma árvore filogenética de NAC, tende a se agrupar com o grupo de NACs compreendendo a seqüência de aminoácidos representada por SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 55, SEQ ID NO: 57 ou SEQ ID NO: 59 ao invés de com qualquer outro grupo de NAC. A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um tal fator de transcrição NAC, cujas plantas têm rendimento melhorado em relação a plantas de controle. A presente invenção se relaciona adicionalmente a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2. A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo AP2-2, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento intensificadas em relação a plantas de controle. A presente invenção se relaciona adicionalmente a um método para intensificar características relacionadas ao rendimento em plantas modulando expressão

em uma planta de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo APETELA2-70 (tipo AP2-70). A presente invenção também se relaciona a plantas tendo expressão modulada de um ácido nucleico codificando um polipeptídeo tipo AP2-70, cujas plantas têm características relacionadas a rendimento intensificadas em relação a plantas de controle. A invenção também fornece ácidos nucléicos codificando NAC, AP2-2 e tipo AP2-70 até agora desconhecidos, e construções compreendendo os mesmos, úteis para realizar os métodos da invenção. A invenção também fornece construções úteis nos métodos da invenção.