



19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

11 Número de publicación: **2 338 864**

51 Int. Cl.:

C12N 15/29 (2006.01)

C12N 9/10 (2006.01)

C12N 15/54 (2006.01)

C12N 15/63 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Número de solicitud europea: **01942880 .4**

96 Fecha de presentación : **14.06.2001**

97 Número de publicación de la solicitud: **1305420**

97 Fecha de publicación de la solicitud: **02.05.2003**

54 Título: **Modificación de biosíntesis de fructano.**

30 Prioridad: **14.06.2000 AU PQ8155**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:
13.05.2010

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:
13.05.2010

73 Titular/es: **Molecular Plant Breeding Nominees Ltd.**
1 Park Drive
Bundoora, Victoria 3083, AU

72 Inventor/es: **Spangenberg, German, Carlos;**
Lidgett, Angela, Jane;
Johnson, Xenie, Angela y
Terdich, Katherine

74 Agente: **Carvajal y Urquijo, Isabel**

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Modificación de biosíntesis de fructano.

5 La presente invención se relaciona con la modificación de biosíntesis de fructano en las plantas y, más particularmente, con enzimas involucradas en la ruta biosintética de fructano y ácidos nucleicos que codifican tales enzimas.

También se describen aquí elementos reguladores y, más particularmente, promotores capaces de originar la expresión de un gen exógeno en células de la planta, tales promotores son un de gen que codifica una enzima involucrada
10 en la ruta biosintética de fructano en las plantas.

La invención también se relaciona con vectores que incluyen los ácidos nucleicos y elementos reguladores de la invención, células de planta, plantas, semillas y otras partes de planta transformadas con los elementos reguladores, ácidos nucleicos y vectores, y métodos para utilizar los ácidos nucleicos, elementos reguladores y vectores.

15 Los fructanos son una clase de polisacáridos altamente solubles en agua que consisten de cadenas de fructuosa lineal o ramificada adheridas a sacarosa. Representen el principal carbohidrato no estructural en muchas especies de planta.

20 La síntesis de fructano en gramíneas es compleja. Se involucran tres enzimas (fructosiltransferasas); sacarosa:sacarosa 1-fructosiltransferasa (1-SST); fructanofructano 1-fructosiltransferasa (1-FFT); y sacarosa:fructano 6-fructosiltransferasa (6-SFT) que sintetiza los fructanos más complejos que prevalecen en gramíneas y cereales.

Se han encontrado altas cantidades de acumuladas en los raigrás (especie *Lolium*) y festucas (especie *Festuca*) en
25 respuesta a las presiones ambientales tales como sequía y frío.

Los fructanos se asocian con características ventajosas en gramíneas de forraje, tal como tolerancia al frío y sequía, la supervivencia de retoño incrementadas, persistencia mejorada, recrecimiento bueno después de corte o pastoreo, recuperación mejorada del estrés y el temprano crecimiento de la primavera.

30 Adicionalmente, los fructanos en gramíneas forrajeras contribuyen de manera significativa a la energía disponible para la alimentación de los animales de pastoreo de rumiantes. Los procesos de fermentación en el rumen requieren energía considerable fácilmente disponible. La mejora de la energía disponible en el rumen puede aumentar la eficiencia de la digestión del rumiante. Una eficiencia incrementada en la digestión del rumen lleva a una conversión
35 mejorada de la proteína del forraje del alimento al rumiante en carne o leche, y a una reducción de los desechos nitrogenados, como contaminante del medio ambiente.

Así, sería deseable tener métodos para manipular la biosíntesis de fructano en las plantas, incluidas las especies de gramíneas tales como raigrás (especie *Lolium*) y festuca (especie *Festuca*), por lo tanto facilitando la producción de por ejemplo gramíneas para pastos con una tolerancia mejorada al estrés abiótico, persistencia mejorada y en un aspecto forraje mejorada, llevando a la producción de pasto mejorado, la producción animal mejorada y contaminación
40 del medio ambiente reducida.

Aunque se han aislado secuencias de ácido nucleico que codifica algunas de las enzimas que participan en la ruta de biosíntesis de fructano para ciertas especies de plantas, existe una necesidad de los materiales útiles en la modificación de biosíntesis de fructano en las plantas, en particular especies de gramíneas tales como raigrás y fetuscas, y también mediante ingeniería genética la acumulación de fructano en las especies de plantas de especies que son naturalmente que carecen de fructano.

50 Otros rasgos fenotípicos que pueden ser mejorados mediante manipulación transgénica de plantas incluyen la resistencia a enfermedades, contenidos de minerales, calidad de los nutrientes y tolerancia a la sequía.

Sin embargo, la manipulación transgénica de los rasgos fenotípicos en las plantas requiere de la disponibilidad de elementos reguladores capaces de originar la expresión de genes exógenos en células de planta.

55 Es un objeto de la presente invención superar, o por lo menos aliviar, una o más de las dificultades o deficiencias asociadas con la técnica antecedente.

En un aspecto, la presente invención proporciona ácidos nucleicos sustancialmente purificados o aislados o fragmentos de ácido nucleico que codifican los homólogos de fructosil transferasa de una especie de raigrás.

La especie raigrás (*Lolium*) puede ser de cualquier tipo, que incluye raigrás italiano o anual, raigrás perene. Preferiblemente la especie raigrás es raigrás perene (*Lolium perenne*).

65 El ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico puede ser de cualquier tipo adecuado e incluye ADN (tal como cADN o ADN genómico) y ARN (tal como mARN) que es mono o bicatenario, que opcionalmente contiene bases nucleótidas sintéticas, no naturales o alteradas y combinaciones de las mismas.

El término “aislado” significa que se remueve el material de su ambiente original (por ejemplo el ambiente natural si es de ocurrencia natural). Por ejemplo, un ácido nucleico de ocurrencia natural presente en una planta viva no es aislado, pero el ácido nucleico separado de alguno o todos los materiales coexistentes del sistema de la naturaleza, es aislado. Tales ácidos nucleicos pueden ser parte de un vector y/o tales ácidos nucleicos pueden ser parte de una composición, y aún ser aislados de tal manera que un vector o composición no es parte de su ambiente natural.

En una realización preferida de este aspecto de la invención, el ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico sustancialmente purificado o aislado codifica un homólogo de sacarosa:sacarosa 1-fructosiltransferasa (1-SST) a partir de una especie de raigrás (*Lolium*). El ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico sustancialmente purificado o aislado incluye una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste de (a) la secuencia mostrada en la Figura 11 presente (Secuencia ID No: 11); (b) un componente de la secuencia mostrada en la Figura 11 (Secuencia ID No: 11); (c) secuencias anticodificantes a las secuencias citadas en (a) y (b); y (d) fragmentos funcionalmente activos y variantes de las secuencias citadas en (a) y (c).

“Funcionalmente activo” significa que el fragmento o variante (tal como un análogo, derivado o mutante) es capaz para modificar la biosíntesis de fructano en una planta. Tales variantes incluyen variantes alélicas de ocurrencia natural y variantes de ocurrencia no natural. Se contemplan las adiciones, eliminaciones, sustituciones y derivaciones de uno o más de los nucleótidos siempre y cuando las modificaciones no resulten en pérdida de la actividad funcional del fragmento o variante. Preferiblemente el fragmento o variante funcionalmente activa tiene por lo menos aproximadamente 80% de identidad con la parte pertinente de la secuencia anteriormente mencionada, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 90% de identidad, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 95% de identidad. Tales variantes y fragmentos funcionalmente activos incluyen, por ejemplo, aquellos que tienen cambios de ácido nucleico que resultan en sustituciones de aminoácido conservadoras de uno o más residuos en la secuencia de aminoácido correspondiente. Preferiblemente el fragmento tiene un tamaño de por lo menos 10 nucleótidos, más preferiblemente por lo menos 15 nucleótidos, más preferiblemente por lo menos 20 nucleótidos.

En un segundo aspecto de la presente invención se proporciona un vector que incluye un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención.

En una realización preferida de este aspecto de la invención, el vector puede incluir un elemento regulador tal como un promotor, un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención y un terminador; se liga operablemente dicho elemento regulador, ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico y terminator.

“Ligado operablemente” significa que dicho elemento regulador es capaz de originar la expresión de dicho ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico en una célula de planta y dicho terminador es capaz de terminar la expresión de dicho ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico en una célula de planta. Preferiblemente, dicho elemento regulador está en la dirección 5' de dicho ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico y dicho terminador está en la dirección 3' de dicho ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico.

El vector puede ser de cualquier tipo adecuado y puede ser vírico o no vírico. El vector puede ser un vector de expresión. Tales vectores incluyen secuencias de ácido nucleico cromosómicas, no cromosómicas y sintéticas, por ejemplo derivados de virus de plantas; plásmidos bacterianos; derivados del plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens*; derivados del plásmido Ri de *Agrobacterium rhizogenes*; ADN fago; cromosomas artificiales de levadura; cromosomas artificiales bacterianos; cromosomas artificiales bacterianos binarios; vectores derivados de combinaciones de plásmidos y ADN fago. Sin embargo, se puede utilizar cualquier otro vector siempre y cuando sea replicable o integrado y/o viable en la célula de planta.

El elemento regulador y terminador puede ser de cualquier tipo adecuado y puede ser endógeno a la célula de planta objetivo o puede ser exógeno, dado que son funcionales en la célula de planta objetivo.

Preferiblemente el elemento regulador es un promotor. Una variedad de promotores que se pueden emplear en los vectores de la presente invención son bien conocidos por aquellos expertos en la técnica. Los factores que influyen la elección del promotor incluyen la especificidad de tejido deseada del vector, y si se desea expresión constitutiva o inducible y la naturaleza de la célula de planta a ser transformada (por ejemplo monocotiledónea o dicotiledónea). Particularmente los promotores adecuados incluyen el promotor de virus Mosaico de la Coliflor 35S (CaMV 35S), el promotor de Ubiquitina del maíz, el promotor de Actina del arroz, el raigrás endógeno 6-SFT, 1-FFT, y los promotores 1-SST.

Una variedad de terminadores que se pueden emplear en los vectores de la presente invención son también conocidos por aquellos expertos en la técnica. El terminador puede ser del mismo gen como la secuencia promotora o un gen diferente. Particularmente los terminadores adecuados son señales de poliadenilación, tales como el CaMV 35S polyA y otros terminadores de los genes de opalina sintasa (nos) y octopina sintasa (ocs).

El vector, en adición al elemento regulador, el ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de la presente invención y el terminador, pueden incluir elementos adicionales necesarios para la expresión del ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico, en diferentes combinaciones, por ejemplo estructura principal del vector, origen de replicación (ori), sitios de clonación múltiples, secuencias espaciadoras, mejoradores, intrones (tale como el intrón Ubi de Ubiquitina de maíz), genes resistentes a antibióticos y otros genes marcadores seleccionables [tales como el gen de neomicina

fosfotransferasa (npt2), el gen de higromicina fosfotransferasa (hph), el gen de fosfinotricina acetiltransferasa (bar o pat)], y genes indicadores (tales como gen beta-glucuronidasa (GUS) (gusA)]. El vector también puede contener un sitio de unión a ribosoma para la iniciación de la traducción. El vector también puede incluir secuencias apropiadas para amplificar la expresión.

Como una alternativa de uso de un gen marcador seleccionable para proporcionar un rasgo fenotípico para la selección de células anfitrionas transformadas, se puede determinar la presencia del vector en células transformada mediante otras técnicas en el arte, tales como PCR (reacción de cadena de polimerasa), transferencia de Southern análisis de hibridación, ensayos GUS histoquímicos, cromatografía de capa delgada (TLC), análisis de hibridación de transferencia de northern y Western.

Aquellos expertos en la técnica apreciarán que los varios componentes del vector se ligan operablemente, con el fin de resultar en la expresión de dicho ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico. Las técnicas para ligar operablemente los componentes del vector de la presente invención son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Tales técnicas incluyen el uso de ligadores, tales como ligadores sintéticos, por ejemplo que incluyen uno o más sitios de enzima de restricción.

Se pueden incorporar los vectores de la presente invención en una variedad de plantas, que incluyen monocotiledóneas (tales como gramíneas del género *Lolium*, *Festuca*, *Paspalum*, *Pennisetum*, *Panicum* y otras gramíneas forrajeras y de césped, maíz, avena, caña de azúcar, trigo y cebada), dicotiledóneas (tales como *Arabidopsis*, tabaco, leguminosas, trébol blanco, trébol rojo, trébol subterráneo, alfalfa, roble, eucalipto, canola, arce, soja y garbanzo) y gimnospermas. En una realización preferida, se utilizan los vectores para transformar monocotiledóneas, preferiblemente especies gramíneas tal como raigrás (*Lolium species*) y fetuscas (*Festuca species*), más preferiblemente raigrás perene (*Lolium perenne*) que incluyen cultivos de tipo forrajera y de césped y fetusca altas (*Festuca arundinacea*). En una realización preferida alternativa, se pueden utilizar los vectores para transformar dicotiledóneas, preferiblemente especie de leguminosa forrajera tales como tréboles (*Trifolium species*) y medicargos (*Medicago species*), más preferiblemente trébol blanco (*Trifolium repens*), trébol rojo (*Trifolium pratense*), trébol subterráneo (*Trifolium subterraneum*) y alfalfa (*Medicago sativa*). Otras plantas objetivo clave incluyen plantas que carecen naturalmente de fructano, tal como papa, remolacha azucarera y maíz.

Las técnicas que incorporan los vectores de la presente invención en las células de planta (por ejemplo mediante transducción, transfección o transformación) son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Tales técnicas incluyen introducción mediada por *Agrobacterium*, electroporación a tejidos, células y protoplastos, fusión de protoplasto, inyección en órganos reproductivos, inyección en embriones inmaduros e introducción de proyectil a alta velocidad a células, tejidos, callos, embriones inmaduros y maduros. La elección de la técnica dependerá grandemente del el tipo de planta a ser transformada.

Se puede seleccionar las células que incorporan el vector de la presente invención, como se describió anteriormente, y luego cultivar en medio apropiado para regenerar las plantas transformadas, utilizando técnicas bien conocidas en el arte. Las condiciones de cultivo, tal como temperatura, pH y similares, serán evidentes a la persona experta en la técnica. Se pueden reproducir las plantas resultantes, ya sea sexual o asexualmente, utilizando métodos bien conocidos en la técnica, para producir generaciones sucesivas de plantas transformadas.

En un aspecto adicional de la presente invención se proporciona una célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta, que incluye, por ejemplo transformada con, un vector de la presente invención.

La célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta puede ser de cualesquier especies adecuadas, que incluyen monocotiledóneas, dicotiledóneas y gimnospermas. En una realización preferida la célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta puede ser de una monocotiledónea, preferiblemente a especies gramíneas, más preferiblemente un raigrás (*Lolium species*) o fetusca (*Festuca species*), aún más preferiblemente un raigrás, más preferiblemente raigrás perene que incluye cultivos de forraje y de césped. En una realización preferida alterna la célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta es de una dicotiledónea, preferiblemente especie de leguminosa forrajera tal como tréboles (*Trifolium species*) y medicargos (*Medicago species*), más preferiblemente trébol blanco (*Trifolium repens*), trébol rojo (*Trifolium pratense*), trébol subterráneo (*Trifolium subterraneum*) y alfalfa (*Medicago sativa*). Otras plantas objetivo clave incluyen plantas que carecen naturalmente de fructano, tal como tabaco, papa, remolacha azucarera y maíz.

La presente invención también proporciona una planta, semilla de planta u otra parte de la planta derivada de una célula de planta de la presente invención.

La presente invención también proporciona una planta, semilla de planta u otra parte de la planta derivada de una planta de la presente invención.

En un aspecto adicional de la presente invención se proporciona un método para modificar la biosíntesis de fructano en una planta, dicho método incluye introducir en dicha planta una cantidad efectiva de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico y/o un vector de acuerdo con la presente invención.

“Una cantidad efectiva” significa una cantidad suficiente que resulta en un rasgo fenotípico identificable en dicha planta, o una planta, semilla de planta u otra parte de la planta derivada de la misma. Se pueden determinar fácilmente tales cantidades por una persona apropiadamente experta, tomando en cuenta el tipo de planta, la ruta de administración y otros factores pertinentes. Tal una persona será capaz fácilmente de determinar una cantidad adecuada y método de administración. Ver, por ejemplo, Maniatis *et al*, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor.

Utilizando los métodos y materiales de la presente invención, se puede incrementar la biosíntesis de fructano en la planta, disminuir o de otra forma modificar relativamente a una planta de control no transformada. Se puede incrementar o de otra forma modificar, por ejemplo, al incorporar copias adicionales de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico codificante de la presente invención. Se puede disminuir, por ejemplo, al incorporar un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico anticodificante de la presente invención. En adición, se puede manipular el número de copias de genes que codifican para diferentes enzimas en la ruta biosintética de fructano para modificar la cantidad relativa de cada molécula sintetizada, alterando por lo tanto la composición de fructanos producida. También, se pueden utilizar los materiales y métodos de la presente invención para construir mediante ingeniería acumulación de fructano en plantas que carecen de fructano, particularmente plantas para forraje, tales como tréboles y alfalfa. Esto puede a su vez proporcionar calidad mejorada y/o tolerancia a estrés abiótico.

En todavía un aspecto adicional de la presente invención se proporciona el uso de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención, y/o información de secuencia de nucleótido del mismo, como un marcador genético molecular.

Más particularmente, se pueden utilizar los ácidos nucleicos o fragmentos de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención y/o información de secuencia de nucleótido de los mismos; como un marcador genético molecular para los locus de rasgo cualitativo (QTL) etiquetado, mapeo QTL, huella genética y selección asistida de marcador, y se puede utilizar como genes candidatos o marcadores perfectos, particularmente en raigrás y fetuscas. Aún más particularmente, se pueden utilizar los ácidos nucleicos o fragmentos de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención, y/o información de secuencia de nucleótido de los mismos, como marcadores genéticos moleculares en la mejora de gramínea forrajera y de césped, por ejemplo etiquetados QTL para la digestibilidad de la materia seca, calidad de forraje, palatabilidad, regeneración después del corte y pastoreo, tolerancia al frío, tolerancia a la sequía, supervivencia del retoño y persistencia de la planta.

En todavía un aspecto adicional de la presente invención se proporciona un homólogo de fructosil transferasa sustancialmente purificado o aislado de un especie raigrás (*Lolium*). El homólogo de fructosil transferasa es un polipéptido seleccionado del grupo que consiste de las enzimas 1-SST y homólogos de las mismas.

La especie raigrás (*Lolium*) puede ser de cualquier tipo, que incluye raigrás Italiano o anual, y raigrás perene. Preferiblemente la especie es a raigrás perene (*L. perenne*).

En una realización preferida de este aspecto de la invención, el homólogo 1-SST sustancialmente purificado o aislado incluye una secuencia de aminoácido seleccionada del grupo que consiste de la secuencia mostrada en la Figura 11 aquí (Secuencia ID No: 12); y fragmentos y variantes funcionalmente activos de los mismos.

“Funcionalmente activo” en este contexto significa que el fragmento o variante tiene un o más de las propiedades biológicas de las proteínas 1-SST y homólogos de las mismas, respectivamente. Se contemplan las adiciones, eliminaciones, sustituciones y derivaciones de uno o más de los aminoácidos siempre y cuando las modificaciones no resulten de la pérdida de la actividad funcional del fragmento o variante. Preferiblemente el fragmento o variante tiene por lo menos aproximadamente 60% de identidad con la parte pertinente de la secuencia anteriormente mencionada, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 80% de identidad, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 90% de identidad. Tales variantes y fragmentos funcionalmente activos incluyen, por ejemplo, aquellos que tienen sustituciones de aminoácido conservadoras de uno o más residuos en la secuencia de aminoácido correspondiente. Preferiblemente el fragmento tiene un tamaño de por lo menos 10 aminoácidos, más preferiblemente por lo menos 15 aminoácidos, más preferiblemente por lo menos 20 aminoácidos.

En una realización adicional de este aspecto de la invención, se proporciona un polipéptido producido recombinantemente a partir de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con la presente invención. Las técnicas para producir recombinantemente los polipéptidos son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica.

Se puede utilizar la presente invención como se define en las reivindicaciones para proporcionar un fructano o fructano sustancialmente modificado o parcialmente purificado o aislado a partir de una planta, semilla de planta u otra parte de la planta de la presente invención.

Se pueden modificar tales fructanos a partir de fructanos de ocurrencia natural en términos de longitud, el grado de polimerización (número de unidades de fructosa), grado de ramificación y/o naturaleza de enlaces entre unidades de fructosa.

Se pueden aislar tales fructanos a partir de plantas, semillas de planta u otras partes de planta de plantas que son naturalmente acumuladoras de fructano pero tienen acumulación de fructano manipulada (tal como raigrás, cebolla,

alcachofa) o a partir de plantas, semillas de planta u otras partes de planta de plantas que naturalmente carecen de fructano que se han manipulado para producir fructanos (tales como tabaco, remolacha azucarera, papa, maíz, tréboles, alfalfa).

Estos fructanos pueden tener usos industriales importantes, por ejemplo como endulzantes bajos en caloría.

Un elemento regulador aislado capaz de originar expresión de un gen exógeno en las células de planta puede ser una molécula de ácido nucleico, que incluye ADN (tal como cADN o ADN genómico) y ARN (tal como mARN) que es mono o bicatenario, que opcionalmente contiene bases nucleótidas sintéticas, no naturales o alteradas y combinaciones de las mismas.

Preferiblemente el elemento regulador incluye un promotor, más preferiblemente un promotor de homólogo de fructosil transferasa, aún más preferiblemente un promotor de 1-FFT, 1-SST, 1-FFT un homólogos de los mismos. Preferiblemente, el promotor es de un raigrás (*Lolium*), más preferiblemente raigrás perene (*Lolium perenne*).

En una realización particularmente preferida de este aspecto de la invención, el elemento regulador incluye un promotor de los homólogos cADN 6-SFT Lp6SFT1 y Lp6SFT3 de raigrás perene.

Preferiblemente el elemento regulador incluye una secuencia de nucleótido que incluye la primera aproximadamente 5700 nucleótidos de la secuencia mostrada en la Figura 10 - presente (Secuencia ID No: 9); la primera aproximadamente 1600 nucleótidos de la secuencia mostrada en la Figura 11 presente (Secuencia ID No: 11); o un fragmento o variante funcionalmente activa del mismo.

“Funcionalmente activo” en este contexto significa que el fragmento o variante (tal como un análogo, derivado o mutante) es capaz de originar expresión de un transgen en las células de planta. Tales variantes incluyen variantes alélicas de ocurrencia natural y variantes de ocurrencia no natural. Se contemplan adiciones, eliminaciones, sustituciones y derivaciones de uno o más de los nucleótidos siempre y cuando las modificaciones no resulten en pérdida de la actividad funcional del elemento regulador. Preferiblemente el fragmento o variante funcionalmente activa tiene por lo menos aproximadamente 80% de identidad con la parte pertinente de la secuencia anterior, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 90% de identidad, más preferiblemente por lo menos aproximadamente 95% de identidad. Preferiblemente el fragmento tiene un tamaño de por lo menos 100 nucleótidos, más preferiblemente por lo menos 150 nucleótidos, más preferiblemente por lo menos 200 nucleótidos.

En una realización particularmente preferida de este aspecto de la invención, el elemento regulador incluye una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste del fragmento HindIII-EcoRI de Lp6SFT1 mostrado en la Figura 12 aquí; y el fragmento XbaI-EcoRI de Lp6SFT1 mostrado en la Figura 12 aquí; o un fragmento o variante funcionalmente activa del mismo.

Un “gen exógeno” significa un gen no ligado naturalmente a dicho elemento regulador. En ciertas realizaciones de la presente invención el gen exógeno también no se encuentra naturalmente en la planta o célula de planta pertinente.

El gen exógeno puede ser de cualquier tipo. El gen exógeno puede ser un ácido nucleico tal como ADN (por ejemplo cADN o ADN genómico) o ARN (por ejemplo mARN) que es mono o bicatenario, que opcionalmente contiene bases nucleótidas sintéticas, no naturales o alteradas, y combinaciones de las mismas. El gen exógeno puede corresponder a un gen objetivo, por ejemplo un gen capaz de influenciar la resistencia a enfermedad, digestibilidad de la hierba, calidad de nutriente, contenido mineral o tolerancia a la sequía o ser un fragmento o variante (tal como un análogo, derivado o mutante) del mismo que es capaz de modificar la expresión de dicho gen objetivo. Tales variantes incluyen secuencias de ácido nucleico que son antisentido a dicho gen objetivo o un análogo, derivado, mutante o fragmento del mismo. El transgen puede codificar para una proteína o secuencia de ARN que depende de la condición objetivo y si se requiere regulación ascendente de la expresión de gen. Preferiblemente, se selecciona el gen objetivo de secuencias codificantes endógenas que codifican para mARN para una proteína, esta proteína puede ser de origen bacteriano (tal como enzimas involucradas en la modificación de la pared celular y el metabolismo de pared celular, biosíntesis de citocina), o origen eucariótico (tal como polipéptidos farmacéuticamente activos) o de origen vegetal (tal como enzimas involucradas en la síntesis de los compuestos fenólicos, síntesis de metabolismo de pared celular de fructanos, metabolismo de azúcar, biosíntesis de lignina). Preferiblemente, el gen objetivo se selecciona del grupo que comprende 1-SST, 1-FFT, 6-SFT, O-metiltransferasa, 4 coumarato CoA-ligasa, cinnamoyl CoA reductasa, cinnamyl alcohol deshidrogenasa, cinnamato 4 hidroxilasa, fenolasa, laccasa, peroxidasa, coniferol glucosil transferasa, coniferin beta-glucosidasa, fenilalanina amoniaco liasa, ferulato 5-hidroxilasa, quitinasa, glucanasa, isopenteniltransferasa, xilanasas.

Las células de planta, en las que el elemento regulador de la presente invención es capaz de originar expresión de un gen exógeno, pueden ser de cualquier tipo. Las células de planta pueden ser de monocotiledóneas (tales como gramíneas del género *Lolium*, *Festuca*, *Paspalum*, *Pennisetum*, *Panicum* y otras gramíneas forrajeras y de césped, maíz, avena, caña de azúcar, trigo y cebada), dicotiledóneas (tales como *Arabidopsis*, tabaco, leguminosas, alfalfa, roble, eucalipto y arce) y gimnospermas. Preferiblemente las células de planta son de una monocotiledónea, más preferiblemente las especies gramíneas tales como una especie raigrás (*Lolium*) o fetusca (*Festuca*), aún más preferiblemente un raigrás, más preferiblemente raigrás perene (*Lolium perenne*). Otras plantas objetivo clave incluyen plantas que carecen naturalmente de fructano, tal como tabaco, papa, remolacha azucarera y maíz.

ES 2 338 864 T3

Se puede utilizar el elemento regulador de acuerdo con la presente invención para expresar genes exógenos a los que es se te liga operablemente en la producción de plantas transgénicas.

De acuerdo con lo anterior, en un aspecto adicional de la presente invención se proporciona un vector que incluye un elemento regulador de acuerdo con la presente invención.

En una realización preferida de este aspecto de la invención, el vector puede incluir un elemento regulador de acuerdo con la presente invención, un gen exógeno como se describe aquí, y un terminador; dicho elemento regulador, gen exógeno y terminador se liga de forma operable, tal que dicho elemento regulador es capaz de originar expresión de dicho gen exógeno en las células de planta. Preferiblemente, dicho elemento regulador está en la dirección 5' de dicho gen exógeno y dicho terminador está en la dirección 3' de dicho gen exógeno.

El vector puede ser de cualquier tipo adecuado y puede ser vírico o no vírico. El vector puede ser un vector de expresión. Tales vectores incluyen secuencias de ácido nucleico cromosómicas, no cromosómicas y sintéticas, por ejemplo derivados de virus de plantas; plásmidos bacterianos; derivados del plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens*; derivados del plásmido Ri de *Agrobacterium rhizogenes*; ADN fago; cromosomas artificiales de levadura; cromosomas artificiales bacterianos; cromosomas artificiales bacterianos binarios; vectores derivados de combinaciones de plásmidos y ADN fago. Sin embargo, se puede utilizar cualquier otro vector siempre y cuando este sea replicable o integrador o viable en la célula de planta.

El terminador puede ser de cualquier tipo adecuado e incluye por ejemplo señales de poliadenilación, tal como el virus Mosaico de la Coliflor 35S polyA (CaMV 35S polyA) y otros terminadores de los genes de nopalina sintasa (nos) y octopina sintasa (ocs).

El vector, en adición al elemento regulador, el ácido nucleico exógeno y el terminador, puede incluir elementos adicionales necesarios para la expresión del ácido nucleico, en diferentes combinaciones, por ejemplo estructura principal del vector, origen de replicación (ori), sitios de clonación múltiples, secuencias espaciadoras, mejoradores, intrones (tales como el intrón Ubi de Ubiquitina de maíz), genes resistentes a antibióticos y otros genes marcadores seleccionables [tal como el gen de neomicina fosfotransferasa (npt2), en gel higromicina fosfotransferasa (hph), el gen de fosfinotricina acetiltransferasa (bar o pat)], y genes indicadores (tales como gen beta-glucuronidasa (GUS) (gusA)]. El vector también puede contener un sitio de unión a ribosoma para la iniciación de la traducción. El vector también puede incluir secuencias apropiadas para amplificar la expresión.

También se puede utilizar el elemento regulador de la presente invención con otros promotores completos o elementos promotores parciales.

Como una alternativa de uso de un gen marcador seleccionable para proporcionar un rasgo fenotípico para la selección de células anfitrionas transformadas, se puede determinar la presencia del vector en células transformadas mediante otras técnicas bien conocidas en el arte, tales como PCR (reacción de cadena de polimerasa), transferencia de Southern análisis de hibridación, ensayos GUS histoquímicos, análisis de hibridación de transferencia de northern y Western.

Aquellos expertos en la técnica apreciarán que los varios componentes del vector se ligan operablemente, con el fin de resultar en la expresión de dicho transgen. Las técnicas para ligar operablemente los componentes del vector de la presente invención son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Tales técnicas incluyen el uso de ligadores, tal como ligadores sintéticos, por ejemplo que incluyen uno o más sitios de restricción.

Se pueden incorporar los vectores de la presente invención en una variedad de plantas, que incluyen monocotiledóneas, dicotiledóneas y gimnospermas. En una realización preferida se utilizan los vectores para transformar monocotiledóneas, preferiblemente especies gramíneas tal como raigrás (*Lolium species*) y fescas (*Festuca species*), más preferiblemente raigrás perenne (*Lolium perenne*) que incluyen cultivos de forraje y de césped.

Las técnicas que incorporan los vectores de la presente invención en las células de planta (por ejemplo mediante transducción, transfección o transformación) son bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Tales técnicas incluyen introducción mediada por *Agrobacterium*, electroporación a tejidos, células y protoplastos, fusión de protoplasto, inyección en órganos reproductivos, inyección en embriones inmaduros e introducción de proyectil a alta velocidad a células, tejidos, callos, embriones inmaduros y maduros. La elección de la técnica dependerá grandemente del tipo de planta a ser transformada.

Se pueden seleccionar las células que incorporan el vector de la presente invención, como se describió anteriormente, y luego cultivar en un medio apropiado para regenerar las plantas transformadas, utilizando técnicas bien conocidas en el arte. Las condiciones de cultivo, tal como temperatura, pH y similares, serán evidentes a la persona experta en la técnica. Se pueden reproducir las plantas resultantes, ya sea sexual o asexualmente, utilizando métodos bien conocidos en la técnica, para producir generaciones sucesivas de plantas transformadas.

En un aspecto adicional de la presente invención se proporciona una célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta, que incluye, por ejemplo transformada con, un vector de la presente invención.

La célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta pueden ser de cualesquier especies adecuadas, que incluyen monocotiledóneas, dicotiledóneas y gimnospermas. En una realización preferida la célula de planta, planta, semilla de planta u otra parte de la planta es de una monocotiledónea, preferiblemente a especie gramínea, más preferiblemente un raigrás (*Lolium species*) o fetusca (*Festuca species*), aún más preferiblemente raigrás perene (*Lolium perenne*), que incluye cultivos de forraje y de césped.

La presente invención también proporciona una planta, semilla de planta, u otra parte de la planta derivada de una célula de planta de la presente invención.

La presente invención también proporciona una planta, semilla de planta u otra parte de la planta derivada de una planta de la presente invención.

En todavía un aspecto adicional de la presente invención se proporciona un genoma de planta recombinante que incluye un elemento regulador de acuerdo con la presente invención.

En una realización preferida de este aspecto de la invención el gen de planta recombinante incluye un gen exógeno ligado operablemente a dicho elemento regulador.

En un aspecto adicional de la presente invención se proporciona un método para expresar un gen exógeno en las células de planta, dicho método incluye introducir en dichas células de planta una cantidad efectiva de un elemento regulador y/o un vector de acuerdo con la presente invención.

“Una cantidad efectiva” significa una cantidad suficiente que resulta en un cambio fenotípico identificable en dichas células de planta o una planta, semilla de planta u otra parte de la planta derivadas de las mismas. Se pueden determinar tales cantidades fácilmente por una persona apropiadamente experta, tomando en cuenta el tipo de célula de planta, la ruta de administración y otros factores pertinentes. Tal una persona será capaz fácilmente de determinar una cantidad adecuada y método de administración. Ver, por ejemplo, Maniatis *et al*, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor.

La presente invención se describirá ahora más completamente con referencia a los Ejemplos y dibujos acompañantes. Se debe entender, sin embargo, que la siguiente descripción es solo ilustrativa y no se debe tomar en ninguna forma como una restricción en la generalidad de la invención descrita anteriormente.

En las Figuras

La Figura 1 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 1) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 2) de Lp6SFT1.

La Figura 2 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 3) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 4) de Lp6SFT2.

La Figura 3 muestra un análisis de hibridación northern de ARN total aislado de diferentes órganos y etapas de desarrollo de raigrás perene y probadas con Lp6SFT1 (mancha superior) y Lp6SFT2 (mancha inferior). Las líneas 1-10 contienen ARN de: plántulas-raíces de 1 cm (línea 1), brotes (línea 5); plántulas -raíces 4-6 cm (línea 2), brotes (línea 6); plántulas- raíces 6 semanas (línea 3), brotes (línea 7), tallo (línea 9); plántulas- raíces 10 semanas (línea 4), brotes (línea 8), tallo (línea 10). Las líneas 11 y 12 contienen ARN de tejido de planta completa, madura de *Phalaris* y *Festuca*.

La Figura 4 muestra análisis de hibridación Southern. Se separa 10 µg de ADN genómico de raigrás perene digerido en 1.0% de un gel de agarosa, se transfiere a membrana Hybond N y luego se hibrida con una sonda Lp6SFT1 (mancha izquierda) y Lp6SFT2 (mancha derecha) respectivamente.

La Figura 5 muestra los cADN que codifican Lp6SFT1, Lp6SFT2 y la cebada Hv6SFT menos la señal objetivada 5' clonada en el plásmido secretor de transformación de levadura pPICZαC.

La Figura 6 muestra trazas de cromatografía de intercambio de anión de alto desempeño (HPAEC) de vector de vacío, control positivo Hv6SFT que corresponde a la cebada 6-SFT (Hv6SFT), y Lp6SFT1 incubado con 50 mM de sacarosa y 50 mM de 1-cestosa durante 48 h a 4°C. Los picos representan Glucosa (G), Fructosa (F), Sacarosa (S), 1-Cestosa (1-K), y fructano DP4.

La Figura 7 muestra A) pPicaLp6SFT2 (vector de transformación de levadura para Lp6SFT2 de la Figura 5) expresado en *Pichia pastoris* durante 48 horas, se agrega 15 µg de proteína total a 50 mM de sacarosa y 50 mM de 1-Cestosa y se incuba 6 horas a 4°C. Se diluye la muestra 4x, se filtra y se analiza utilizando HPAEC. B) pPica(vector de vacío) expresado en *Pichia pastoris* durante 48 horas, se agrega una alícuota de sobrenadante a 50 mM de sacarosa y 50 mM de 1-Cestosa y se incuba durante 6 horas a 4°C. Se diluye la muestra 4x, se filtra y se analiza utilizando HPAEC.

ES 2 338 864 T3

La Figura 8 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 5) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 6) de clon de cADN Lp4Ad parcial.

La Figura 9 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 7) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 8) de clon de cADN Lp6Cb parcial.

La Figura 10 - muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 9) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 10) de clon genómico Lp6SFT1 de raigrás perene.

La Figura 11 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 11) y secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 12) de clon genómico Lp6SFT3 de raigrás perene.

La Figura 12 muestra un gen gusA quimérico bajo el control del promotor Lp6SFT1 (secuencia promotora de la Secuencia ID No: 9).

La Figura 13 muestra A) se transforman protoplastos de tabaco con los vectores que llevan el promotor L p6SFT1 o L p6SFT3 fusionado a el gen gusA. B) análisis de PCR 5 transformantes y controles positivos (SR1) y negativos (H2O). C) Análisis de hibridación Southern de ADN a partir de 5 transformantes utilizando parte del promotor L p6SFT1 como la sonda. D) Análisis de hibridación Southern de ADN a partir de 5 transformantes utilizando parte del gen gusA como la sonda. E) Teñido histoquímico de tejido de planta para actividad de la proteína gusA para evaluar la expresión del promotor Lp6SFT1.

La Figura 14 muestra el nucleótido (Secuencia ID No: 13) y las secuencias de aminoácido (Secuencia ID No: 14) de Lp6SFT4.

La Figura 15 muestra vectores de transformación Lp6SFT1 y Lp6FT2 codificante y anticodificante bajo el control del promotor CaMV 35S y el promotor de Ubiquitina del maíz.

La Figura 16 muestra análisis molecular de tabaco transgénico que lleva el transgen Lp6SFT1 codificante. A) mapa de plásmido de vector de transformación que lleva un gen Lp6SFT1 codificante quimérico bajo el control del promotor CaMV 35S; B) análisis PCR de 14 clones de tabaco transgénicos independientes transformados con el gen Lp6SFT1 quimérico y un gen Lp6SFT1 quimérico; C-D) análisis de hibridación Southern de 14 plantas de tabaco transgénicas independientes de B) utilizando una sonda de hibridación específica Lp6SFT1; E) análisis de hibridación Northern de 5 plantas de tabaco transgénicas independientes de CD) utilizando una sonda de hibridación específica Lp6SFT1. SRI = control de tabaco negativo no transformado, + = control positivo de ADN de plásmido, - = control negativo de agua.

La Figura 17 muestra análisis molecular de tabaco transgénico que lleva el transgen Lp6SFT2 codificante. A) Mapa de plásmido de transformación vector que lleva un gen Lp6SFT2 codificante quimérico bajo el control del promotor CaMV 35S; B) análisis PCR de clones de tabaco transgénicos independientes transformados con el gen Lp6SFT2 quimérico de A); C) análisis de hibridación Southern de plantas de tabaco transgénicas independientes de B) utilizando una sonda de hibridación específica Lp6SFT2; D) análisis de hibridación Northern de plantas de tabaco transgénicas independientes utilizando una sonda de hibridación específica Lp6SFT2. SRI = control de tabaco negativo no transformado, + = control positivo de ADN de plásmido, - = control negativo de agua.

La Figura 18 muestra A) análisis de hibridación Northern de tabaco plantas transgénicas T1 utilizando una sonda de hibridación específica Lp6SFT2 2 kb y ARN aislado de pseudotallos de raigrás como control positivo; B) se aíslan carbohidratos solubles en agua de callos de plantas de tabaco T1 transgénicas anticodificantes y codificantes Lp6SFT2 que crecen en la oscuridad durante 1 mes: (i) se extraen los azúcares de una planta de tabaco transgénica codificante positiva northern, (ii) se extraen los azúcares de una planta de tabaco transgénica de control anticodificante. Se analizan los extractos mediante HPAEC y se verifican los tiempos de retención contra los estándares puros y las preparaciones de fructano de raigrás.

La Figura 19 muestra el protocolo para la producción independiente de cultivo en suspensión de plantas de raigrás perene transgénicas. A) embriones cigóticos aislados, se colocan en medio MSM5, día 0; B) Formación y proliferación de callo embrionario, 6-8 semanas después de aislamiento de embrión; C) Callos embrionarios dispuestos en MSM3 osmótico más medio antes de transformación biolística; D) Ensayo Gus histoquímico que muestra focus que expresan GUS 3-4 días post-bombardamiento de gen gusA quimérico; E) Selección de callos embrionarios en medio MSM3 que contienen 100 mg/l de paromomicina (μ m), 2 semanas después de bombardeo microproyectoril; F) Regeneración de brotes resistentes a Pm en medio MSK que contiene 100 mg/l de Pm, 4 semanas después de bombardeo microproyectoril; G) En regeneración de planta *in Vitro* de callos embrionarios resistentes a PM, 6 semanas después de bombardeo microproyectoril; H) Plantas de raigrás perene transgénicas 28 semanas después de aislamiento de embrión.

La Figura 20 muestra la ubicación del mapa de Lp6SFT1 y Lp6SFT2 (en sangre) dentro del mapa de enlaces genéticos de raigrás perene.

Ejemplo 1

El aislamiento de clones de cADN que codifican para enzimas biosintéticas de fructano de raigrás perene

5 Se utiliza una colección de cADN preparada a partir de ARN extraído de plántulas de raigrás perene para aislar homólogos de fructosiltransferasa Lp6SFT1 y Lp6SFT2. Estos clones de cADN se aíslan de la colección de cADN de raigrás perene utilizando el gen de cebada 6SFT como una sonda. Las secuencias de gen completo de los homólogos de raigrás perene de fructosiltransferasa se muestran en las Figuras 1 y 2.

10 Más particularmente, se selecciona una colección de cADN de plántula de raigrás perene con un fragmento 1,200 bp PstI aislado de un clon de cADN de cebada 6-SFT. Se aíslan doce cADNs y se separan en cuatro grupos mediante análisis de digestión de restricción. Se detectan dos clones de longitud completa Lp6SFT1 y Lp6SFT2 para caracterización adicional.

15 Se determina la secuencia completa del clon Lp6SFT1. El clon cADN tiene cola poly(A) típica, un codón inicio y de detención. El marco de lectura abierto (ORF) del clon codifica para una proteína putativa de 651 aminoácidos.

Se determina la secuencia completa del segundo homólogo de cADN 6SFT *L. perenne* (Lp6SFT2). El clon de longitud completa tiene una cola poly(A) típica, codón de inicio y de detención y 2013 bp ORF codificado por una
20 proteína de 671 aminoácidos.

Un análisis de hibridación Northern con muestras de ARN aislado de raigrás perene en etapas de desarrollo hibridan a Lp6SFT1 (Figura 3, mancha superior) y Lp6SFT2 (Figura 3, mancha inferior) se desarrolla para determinar los patrones de expresión de órgano y de desarrollo. Ambas sondas se hibridan a una especie de mRNA monocatenaria de
25 aproximadamente 2.3 kb y 2.4 kb respectivamente. Se encuentra que la transcripción Lp6SFT1 y Lp6SFT2 se acumula en brotes y raíces jóvenes y tejido de tallo maduro (Figura 3).

Un análisis de hibridación Southern utilizando ADN, aislado de una planta de raigrás perene de doble haploide, digerido con DraI, BamHI, EcoRI, EcoRV, HindIII y XbaI se hibrida con un alto rigor con una sonda Lp6SFT1
30 y Lp6SFT2 respectivamente. El patrón de hibridación revela que ambos Lp6SFT1 (Figura 4, mancha izquierda) y Lp6SFT2 (Figura 4, mancha derecha) corresponden a un gen de copia monocatenaria (Figura 4).

Ejemplo 2

Análisis funcional de fructosiltransferasas de raigrás

Se ha determinado la funcionalidad de los homólogos del raigrás fructosiltransferasa cADN Lp6SFT1 y Lp6SFT2 mediante la expresión en la levadura de la cepa *Pichia pastoris*. Se encuentra que la actividad de enzima de las proteínas recombinantes Lp6SFT1 y Lp6SFT2 secretadas tienen actividad de fructosiltransferasa cuando se incuban con sacarosa y el trisacárido 1-cestosa. Estos datos funcionales demuestran que las Lp6SFT1 y Lp6SFT2 son fructosil-
40 transferasas adecuadas para manipular reservas de fructano en raigrás transgénico.

Para determinar la funcionalidad de los homólogos de cADN de fructosiltransferasa de raigrás, se han clonado los cADN que codifican Lp6SFT1, Lp6SFT2 y la cebada de control Hv6SFT menos la secuencia de señal objetivada 5' en los plásmidos secretadores de transformación de levadura pPICZαC (vectores disponibles para la producción de proteína recombinante) (Figura 5). Se ha transformado la cepa de levadura *Pichia pastoris* con los plásmidos anteriores y el vector progenitor de vacío como un control. Se analiza la actividad de enzima de la proteína recombinante Lp6SFT1, Lp6SFT2 y Hv6SFT secretada para actividad de fructosiltransferasa al incubar con sacarosa y el trisacárido 1-cestosa.
50

La *Pichia pastoris* transformada con Lp6SFT1 produce y secreta una proteína funcional que tiene actividad de fructosiltransferasa, similar a la actividad de la proteína Hv6SFT recombinante. Ambas producen un fructano DP4 y pequeñas cantidades de fructanos DP mayores están ausentes en el vector de control (Figura 6).

55 La *Pichia pastoris* transformada con Lp6SFT2 produce y secreta una proteína que tiene actividad de fructosiltransferasa y alguna actividad invertasa. La actividad de la proteína recombinante Lp6SFT2 en la presencia de sacarosa y 1-cestosa produce DP4 y fructanos mayores, que están ausentes en el vector de control cuando se incuban bajo las mismas condiciones (Figura 7).

Ejemplo 3

Se aíslan clones de cADN parciales como se describió previamente para Lp6SFT1 y Lp6SFT2 utilizando la Cebada 6SFT (Hv6SFT) como una sonda. Estas fructosiltransferasas parciales (4Ad y 6Cb; ver Figuras 8 y 9, respectivamente) tienen alta homología de aminoácido con ambos Lp6SFT1 y Lp6SFT2 (ver tabla adelante). Se han utilizado para aislar fructosiltransferasas adicionales tales como los clones genómicos Lp6SFT3 y Lp6SFT4. La alta homología de estas secuencias de nucleótido parciales con otras las hacen excelentes candidatos para el aislamiento de cADN adicional y clones genómicos que codifican las fructosiltransferasas en las plantas.
65

TABLA

% homología de aminoácido de fructosiltransferasas de raigrás parciales a Lp6SFT1 y Lp6SFT2

5		4Ad	6Cb
	Lp6SFT1	69%	70%
	Lp6SFT2	64%	64%

10

Ejemplo 4

El aislamiento y caracterización de clones genómicos de fructosiltransferasa y promotores

15

Se han aislado clones y promotores genómicos de Lp6SFT1 y Lp6SFT3 de una colección genómica de raigrás perene. Se han secuenciado completamente ambos clones (Figuras 10 y 11).

20

Más particularmente, una colección de genómica de *Lolium perenne* se detecta con un fragmento de cADN parcial diseñado Lp6SFT3. Se aísla un fragmento genómico 4819 bp, se clona en pBluescript y se secuencia completamente. Se encuentra el fragmento 4.8kb por contener el gen Lp6SFT3 completo y 1.6kb de secuencia promotora. La secuencia genómica Lp6SFT3 que incluye organización exón-intrón se ilustra en la Figura 11.

25

Ejemplo 5

Análisis de patrones de expresión de promotores fructosiltransferasa de raigrás

30

Se han aislado clones y promotores genómicos de Lp6SFT1 y Lp6SFT3 de una colección genómica raigrás perene. Se ha secuenciado completamente ambos clones. Se han fusionado promotores el gen indicador gusA (Figura 12) y se introduce en tabaco mediante transferencia de gen directa para análisis de patrón en plantas. Se ensaya histoquímicamente el material de la planta para actividad β -glucuronidasa (GUS) para determinar los patrones de expresión del promotor Lp6SFT1 en el sistema heterólogo, tabaco. Se detecta actividad GUS débil en la base de la hoja y en el tejido vascular de hoja (Figura 13).

35

Este ejemplo demuestra el uso de secuencias promotoras de fructosiltransferasa de para expresión de gen objetivada en las plantas.

40

Ejemplo 6 (Ejemplo comparativo)

Aislamiento de clon genómico para el raigrás fructosiltransferasa Lp6SFT4

45

Se aísla Lp6SFT4 de una colección genómica raigrás perene utilizando el clon parcial de fructosiltransferasa 4Ad (de la Figura 8) como una sonda de hibridación. El clon genómico Lp6SFT4 contiene 966 bp de secuencia promotora la la secuencia que codifica el gen completa. Se ilustra la secuencia genómica Lp6SFT4 que incluye una organización exón-intrón en la Figura 14.

50

Ejemplo 7 (Ejemplo comparativo)

Desarrollo de vectores codificantes y anticodificantes con secuencias de fructosiltransferasa

55

Para determinar la funcionalidad de los homólogos Lp6SFT1 y Lp6SFT2 de fructosiltransferasa y para regular la expresión de estas enzimas clave en la biosíntesis de fructanos en *L. perenne* se ha generado un conjunto vectores codificantes y anticodificantes. Se han generado los vectores de transformación con secuencias cADN Lp6SFT1 y Lp6SFT2 en la orientación codificante y anticodificante bajo el control de promotor CaMV 35S y promotor de ubiquitina de maíz (Figura 15).

60

Ejemplo 8 (Ejemplo comparativo)

Producción y caracterización de plantas de tabaco transgénicas que expresan el gen fructosiltransferasa Lp6SFT1 de raigrás

65

Se han desarrollado experimentos de transformación, que utilizan vectores que llevan los genes fructosiltransferasa de raigrás Lp6SFT1 en orientación codificante y anticodificante bajo el control del promotor CaMV 35S, en tabaco, una planta que carece de fructano, para evaluar la funcionalidad de Lp6SFT1.

ES 2 338 864 T3

Se detecta un conjunto de plantas de tabaco transgénicas generadas utilizando el vector de transformación codificante Lp6SFT1 mediante PCR y se analizan mediante hibridaciones Southern y northern (Figura 16A, B, C, D, E).

La detección por PCR se lleva a cabo utilizando cebadores específicos npt2 y Lp6SFT1 para la identificación de las plantas transgénicas (Figura 16B). Se identifican plantas transgénicas independientes que se contrasforman con el marcador seleccionable (neomicinfosfotransferasa npt2) y el gen fructosiltransferasa Lp6SFT1 de raigrás.

Se desarrolla análisis de hibridación Southern con muestras de ADN de las plantas transgénicas positivas a PCR con el fin de demostrar la integración del transgen Lp6SFT1. Se digiere el ADN genómico con EcoRI y se analiza mediante análisis de hibridación Southern (Figura 16C, D). Se observa hibridación a una banda del tamaño esperado (transgen más promotor y terminador) en plantas transformadas. También se encuentran las bandas más grandes y más pequeñas adicionales que corresponden copias de transgén redistribuidas múltiples en plantas transgénicas individuales (Figura 16C, D). Se detectan bandas no hibridizantes en el control negativo de tabaco no transformado (SR1).

El análisis de hibridación Northern de ARN total aislado de plantas de tabaco transgénicas Lp6SFT1 positivas a Southern y probadas con un fragmento específico Lp6SFT1 revelan que el transgen Lp6SFT1 se expresa en 1 de las 5 plantas transgénicas Lp6SFT1 probadas (Figura 16E).

Ejemplo 9 (Ejemplo comparativo)

Producción y caracterización de plantas de tabaco transgénicas que expresan el gen de fructosiltransferasa de raigrás Lp6SFT2

Se han desarrollado experimentos de transformación, utilizando vectores que llevan los genes fructosiltransferasa de raigrás Lp6SFT2 en orientación codificante y anticodificante bajo el control del promotor CaMV 35S, en tabaco, una planta que carece de fructano, para evaluar la funcionalidad de Lp6SFT2.

Se detecta un conjunto de plantas de tabaco transgénicas generado utilizando el transformación vector codificante Lp6SFT2 mediante PCR y se analiza mediante hibridaciones Southern y northern (Figura 17A, B, C, D).

Se lleva a cabo la detección PCR utilizando cebadores específicos npt2 y Lp6SFT2 para la identificación de las plantas transgénicas (Figura 17A). Se identifican las plantas transgénicas independientes que se cotransforman con el marcador seleccionable (neomicinfosfotransferasa not2) y el gen de fructosiltransferasa de raigrás Lp6SFT2 (Figura 17B).

Se desarrolla análisis de hibridación Southern con muestras de ADN de las plantas transgénicas positivas a PCT con el fin de demostrar la integración del transgen Lp6SFT2. Se digiere el ADN genómico con EcoRI y se analiza mediante análisis de hibridación Southern (Figura 17C). Se observa hibridación a una banda del tamaño esperado (transgen más promotor y terminador) en plantas transformadas. También se encuentran las bandas más grandes y más pequeñas adicionales que corresponden copias de transgén redistribuidas múltiples en plantas transgénicas individuales (Figura 17D). Se detectan bandas no hibridizantes en el control negativo de tabaco no transformado (SR1).

El análisis de hibridación Northern de ARN total aislado de plantas de tabaco transgénicas Lp6SFT2 positivas a Southern y probadas con un gen específico Lp6SFT2 revelan que el transgen Lp6SFT2 se expresa en todas las 4 plantas transgénicas Lp6SFT2 probadas (Figura 17D).

Se obtienen las progenies (plantas T1) de las plantas de tabaco transgénicas principales que expresan el gen Lp6SFT2 quimérico. Se detecta el callo generado a partir de estas plantas T1 mediante análisis de hibridación Northern (Fig. 18A). Se hacen crecer los callos en medio mofo MS en la oscuridad durante 1 mes. Se aíslan carbohidratos solubles de plantas transgénicas y controles negativos anticodificantes y se analizan los productos de azúcar mediante cromatografía de intercambio de anión de alto desempeño (HPAEC) (Fig 18Bi y 18Bii). Se detecta la cestosa o fructano DP 3 y se identifica en el callo Lp6SFT2 (Fig. 18Bi) y está ausente en las muestras de control negativas (Fig. 18Bii), lo que demuestra actividad de fructosiltransferasa en las muestras de callo de plantas de tabaco transgénicas que expresan Lp6SFT2 bajo estas condiciones.

Este ejemplo demuestra el uso de secuencias de gen de fructosiltransferasa de raigrás para expresión en las plantas que llevan acumulación de fructano manipulada.

Ejemplo 10 (Ejemplo comparativo)

Producción de plantas de raigrás transgénicas para expresión transgénica de fructosiltransferasas

Para investigar los efectos de la sobreexpresión y regulación descendente de la fructosiltransferasas en raigrás perene a través de la tecnología codificante y anticodificante, se utilizan vectores de transformación que llevan genes de fructosiltransferasa quiméricos en orientación codificante y anticodificante para la transformación biolística de

callos embriogénicos derivados de embriones semilla maduros. Se utiliza un procedimiento vigoroso y fiable para la recuperación de plantas de raigrás perene transgénicas.

El procedimiento utiliza callos embriogénicos producidos a partir de embriones derivados de semillas maduras como objetivos directos para la transformación biolística sin requerir el establecimiento de suspensiones celulares embriogénicas. El protocolo, sin embargo depende de un suministro continuo de embriones cigotos aislados para la inducción de callo. Se regeneran las plantas de raigrás transgénicas 24-28 semanas después de aislamiento del embrión. Se colocan en placas los embriones aislados en medio MSM5 para producir callos embriogénicos adecuados como objetivos para transformación biolística dentro de 8 semanas. Se seleccionan los callos embriogénicos tratados con medio altamente osmótico SM3Plus antes de bombardeo microproyectil, en medio MSM3 que contiene 100 mg/l de paromomicina (Pm) durante 2 semanas antes de ser transferidos en MSK con 100 mg/l de Pm durante 4 semanas adicionales hasta diferenciación de brotes resistentes a Pm (Figura 19). Se genera un conjunto de plantas transgénicas para sobreexpresión y regulación descendente de fructosiltransferasas utilizando genes quiméricos Lp6SFT1 y Lp6SFT2 codificantes y anticodificantes.

Ejemplo 11 (Ejemplo comparativo)

Mapeo genético de fructosiltransferasas de raigrás

Se amplifican por PCR los clones Lp6SFT1 y Lp6SFT2 y se radioetiquetan para uso como sondas para detectar los polimorfismos de longitud de fragmento de restricción (RFLPs). Se mapean los RFLP utilizando 110 individuos de progenie de la población de referencia de raigrás perene p150/112 restringida con la enzima HindIII. Los locus Lp6SFT1 y Lp6SFT2 se mapean a grupos de enlace LG7 y LG6, respectivamente (Figura 20). Estas ubicaciones gen se puede utilizar ahora como genes candidatos para rasgos cuantitativos de locus para la biosíntesis de fructano asociada a rasgos tales como la calidad del forraje, la sequía y la tolerancia al frío y componentes del crecimiento vegetal.

Se entenderá también que el término “comprende” (o sus variantes gramaticales) como se utiliza en esta especificación es equivalente con el término “incluye” y no se debe tomar como que excluye la presencia de otros elementos o características.

Los documentos citados en esta especificación son solo para propósitos de referencia y su inclusión no es un reconocimiento de que forman parte de los conocimientos generales comunes en la técnica relevante.

REIVINDICACIONES

- 5 1. Un ácido nucleico sustancialmente aislado o purificado fragmento de ácido nucleico que codifica un homólogo de sacarosa:sacarosa 1-fructosiltransferasa (1-SST) de una especie *Lolium* y que incluye una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste de
 - (a) la secuencia mostrada en el Esquema ID No: 11;
 - 10 (b) fragmentos funcionalmente activos de la Secuencia ID No: 11 que tiene un tamaño de por lo menos 20 nucleótidos; y
 - (c) variantes funcionalmente activas de las secuencias citadas en (a) y (b) que tienen por lo menos 95% de identidad con las secuencias citadas en (a) y (b).
- 15 2. Un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con la reivindicación 1 en donde dicha especie *Lolium* es *Lolium perenne*.
- 20 3. Un ácido nucleico sustancialmente purificado o aislado o fragmento de ácido nucleico que incluye una secuencia de nucleótido seleccionada del grupo que consiste de
 - (a) un componente de la secuencia mostrada en el Esquema ID NO: 11;
 - 25 (b) secuencias anticodificantes a la secuencia mostrada en el Esquema ID NO: 11;
 - (c) fragmentos funcionalmente activos de las secuencias citadas en (b) que tiene un tamaño de por lo menos 20 nucleótidos; y
 - 30 (d) variantes funcionalmente activas de las secuencias citadas en (b) y (c), que tienen por lo menos 95% de identidad con las secuencias citadas en (b) y (c).
- 35 4. Un vector que incluye un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-3.
5. Un vector de acuerdo con la reivindicación 4 que incluye adicionalmente un promotor y un terminador, dicho promotor, ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico y terminador se liga de forma operativa.
- 40 6. Un célula de planta, planta, semilla u otra parte de la planta transformada con un vector de acuerdo con la reivindicación 5.
7. Un método para modificar la biosíntesis de fructano en una planta, dicho método incluye introducir en dicha planta una cantidad efectiva de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-3 y/o un vector de acuerdo con la reivindicación 5.
- 45 8. Uso de un ácido nucleico o fragmento de ácido nucleico de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-3, y/o información de secuencia de nucleótido del mismo, como un marcador genético molecular.
- 50 9. Un homólogo 1-SST sustancialmente purificado a partir de una especie *Lolium* que incluyen una secuencia de aminoácido seleccionada del grupo que consiste de
 - (a) la secuencia mostrada en el Esquema ID No: 12;
 - 55 (b) fragmentos funcionalmente activos de la secuencia mostrada en el Esquema ID No: 12 que tiene un tamaño de por lo menos 20 aminoácidos; y
 - (c) variantes funcionalmente activas de las secuencias citadas en (a) y (b) que tienen por lo menos 90% de identidad con las secuencias citadas en (a) y (b).
- 60 10. Un homólogo A 1-SST de acuerdo con la reivindicación 9 en donde dicha especie *Lolium* es *Lolium perenne*.

```

1  GGCACGAGATCTGCTCCATTTGTTTGGAAATTCGCCGACGATCGATGGAGTCTCGGTCCA
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
                                     M E S R S I
60

61  TTCCCGCGCGGTACGCGTACGAGCCGCTGCCCCACTCTCTCGACGACGCCCATGGCCACG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   P G A Y A Y E P L P H S S D D A H G H D
120

121  ACGACCGCCGGAGCGCCGCGCGGTGAGGTGGCGCGCGTGCCTCGGCCGTTCCTGCGGCGT
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   D R R S A G G V R W R A C A A V L A A S
180

181  CTGCCCCGGTTGTGTTTCGTGGTCCGACGACGCTCGCCGGGTCAAGGGTGGACCGCGTGG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   A L V V P V V A S T L A G S R V D R V A
240

241  CCGTGGACGTGGCTGCCATGCCCGCGCTCTCGGAGACGGCGAGGAGCCGTGGGAAGGACG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   V D V A A M P A L S E T A R S R G K D A
300

301  CGGGCGTGTTCGGAGAAGACGTCCGGCGCGGCGGACGAGATGGGGTTCTCTCGCGCCGGCT
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   G V S E K T S G A A D E M G F L G A G S
360

361  CCGCGCCCGACGCCGACCGGTTCCCGTGGAGCAACCCCATGCTGCACTGGCAGCGCACGG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   G A D A D G P P W S N A M L Q W Q R T G
420

421  GTTTCATTTCCAGCCCCGAGATGAACTGGATGAACGATCCCAACGGTCCCGGTGTATTACC
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   F H F Q P E M N W M N D P N G P V Y Y R
480

481  GAGGATGGTACCACTCTCTTCTACCACTACAACCCCGAGCGCGCGGTGTGGGGCAACATCG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   G W Y H L F Y Q Y N P E G A V W G N I A
540

541  CGTGGGGCCACGCCGTGTCCCGGACCTGGTCCACTGGCGGCCAOCCTCCCGCTGGCCATGG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   W G H A V S R D L V H W R H L F L A M V
600

601  TGCCTGACCAATGGTACGACATCAACGGTGTCTCGACGGGCTCCGCCACTGTGTTCGCCG
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   F D Q W Y D I N G V W T G S A T V F P D
660

661  ATGGGAACCCCAACATGCTCTACACGGGGTCCACCAACGCTCCCGTGCAGGTTCACTGCC
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
   G T L N K L Y T G S T N A S V Q V Q C L
720

```

FIGURA 1

ES 2 338 864 T3

```

721  TTGCTGTGCCCCGAGGAGCCGCAACGACTCCCTCCCTCCGCAACTGGACAAAGCACGAAGCTA 780
      A V P E D P N D S L L R N W T K H E A N

781  ACCCCGTGCTCCTACCGCCGCCCGGGATCGGGGACAAAGGACTTCCGTGACCCGACCCACCG
      P V L L P P P G I G D K D F R D P T T A

841  CCTGGTTCGACGAGTCCGACCCAGACGTGGCGCACCCGTCATCGGGTCCAAAGGACAACAACG
      W F D E S D Q T W R T V I G S K D N N G

901  GCCACGcCGGTATTTGCCATGGTGTACAAGACCAAGGACTTCCTCAACTACGAGCTCATCC
      H A G I A M V Y K T K D F L N Y E L I P

961  CGGGATACTTGCATCGCGTCGACCGGCACCCGGCATGTGGGAGTGCATCGACTTCTACCCCG
      G Y L H R V D G T G M W E C I D F Y P V

1021  TCGSAGGCAAAAACGGCAGCGAGGAGTTGTACGTGATCAAGGAGAGCAGCGAAGCAGACC
      G G K N G S E E L Y V I K E S S D D D R

1081  GACATGACTGGTACACGCTAGGGAAATACGACGCGGCAGCCAAACACGTTCAAGGCGCGCG
      H D W Y T L G K Y D A A A N T F T A A D

1141  ACCCGGAGAACGACCTAGGGATTGGGTTGAGGTATGACTGGGGCAAGTTCTACGGGACCA
      P E N D L G I G L R Y D W G K F Y A T K

1201  AGACTTTCTACGACCCCGGCCAAGAATCGCGCGCGTCTCTGGGGATGGATCGGGGAGACCG
      T F Y D P A K N R R V L W G W I G E T D

1261  ACTCTGAGCGCGCGGATGTGCGCAAGGGATGGGCATCCCTCATGTGATTCGAGGACCG
      S E R A D V A K G W A S L M S I P R T V

1321  TGGAACTCGACGAGAAGACCCGGACCAACCTCATCCAATGGCCGTTGGAGGAGCTCGAGA
      E L D E K T R T N L I Q W P V E E L E T

1381  CCCTCCGCATCAACTCCACCGACCTCGGTTGGCGTCAACATCGACCAAGGCAGCGTCTACC
      L R I K S T D L G G V T I D H G S V Y P

```

FIGURA 1 CONTINUACIÓN

```

1441 CACTGCGCTCTCCACCGCGCCACACAACCTCGACATTGAGGGCTCCTTCGGCATCGACACTG 1500
      L P L H R A T Q L D I E A S F R I D T A

1501 CCACCGTCGCTGCCCTCAATGAGGCTGACGTTGGCTACAATTGCAGCACCAGCGGTGGCT 1560
      T V A A L N E A D V G Y N C S T S G G S

1561 CTGCCAACCGTGGCGCACTCGGCCCTTTGGCCTCCTCGTCCCTCGCCGACGGTAAGGCAG 1620
      A N R G A L G P F G L L V L A D G K A E

1621 AGCAGACGGCAGTCTACTTCTATGTGGCCAAAGGGCTCGACGGGACCTCCAAACCCACT 1680
      Q T A V Y F Y V A K G L D G T L Q T H F

1681 TCTGCCACGACGAGTCAACGGTCGACGCTTGCTAGGGATGTTGTGAAGCGGGTGGTGGGAT 1740
      C H D E S R S T L A R D V V K R V V G Y

1741 ACACCGTGCCTGTCTCTCGACGGTGAGGCCCTTCTCCGTCAGGGTGTCTCGTGGACCACTCAA 1800
      T V P V L D G E A P S V R V L V D H S I

1801 TGGTGGAGAGCTTGGCCATGGGCGGCAGGTCCACGGCAACATCGAGGGTGTACCCCAACGG 1860
      V E S F A M G G R S T A T S R V Y P T E

1861 AGGCCATCTATGGCGCTGCCGGTGCCTATCTTTCAACAACGCCACCGGCGGGCTCCGTCA 1920
      A I Y G A A G A Y L F N M A T G G S V T

1921 CGTTGAGAAGCTGGTGGTGCAATGAGATGGACTGGTCTCTACAACAGATCTTCATGGCTG 1980
      V E K L V V H E M D S S Y N Q I F M A D

1981 ACGACTTGTAGTCATCGTCTCCATGGATAGCGCGCGCGGATGGTGAGGATGATCAACCTA 2040
      D L

2041 CTACATATACATACATACTATTGATCGAGCGATCACCACATCGGTGGGTGGCGGCTTCCT 2100

2101 CTTCTCTTGGATGCGAGAAGGAGATGGAGTACTAGCTACTCTATTTACCATGTTGTTTGT 2160

```

FIGURA 1 CONTINUACIÓN

```

2161  TGGTTTTTTTGGGTTTTGGGTTTTTGACGAGATGGATGAATTAGCTATAGATGGACGATT  2220
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
2221  GGTGCTTATTTATCTCTCTGCTTCCGAGTGTAACTATACATATATTGGCAGGATCGATGA  2280
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
2281  TATCCCTACTGCATGACAGTCATGATTAAATTATTGTGATGATATTGATCAATCAACTTGT  2340
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
2341  AAATGAATTTATTTGGGGGAAAGGTTTATGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  2386
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 1 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

1  GGCACGAGCTTGTCTAATCCCTCCCTCCCACTAGTCGGGCGAGGCCATTCTTCCTAGTTGC 60
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
61  TTCCATCGCATCGATCTCGATCCACAGATTCTATGCCAATGGAGGCCAAGAGATGGCGTCT 120
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
                                   M P M E A R D G V S
121  CGATGCCCTACTCGTATGCGGCCCTGCGGAGGACGCCGAGGCAGCGGTGGTTGGGCGCG 180
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       M P Y S Y A A L P E D A E A A V V G R G
181  GTCGCGGACCGGGCCTCTGTTGCGAGCGTTGCTGTTGACGTGGTCCCGCGCGTCTCTG 240
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       R R T G P L F A A L L L T L V A A L L A
241  CCGTCGCGCGCGTGGCTGGCGTCAAGCTCGTTGGCGAGCTGCGTCCCGGGGGCGTCTCA 300
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       V A A L A G V R L V G E L P A G G V X N
301  TGCCCAACCCACCGATGGAAGTCATGGACGTCAGCGGTAGCAGAGGGCGCTGAGTCAGGG 360
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       P N H P M E V M D V S G S R G P E S G V
361  TGTCCGAGAAGACGTCGGGCGCGCCAGCGAGAGCGGGCGCATGCTGGGCGCGGACGCG 420
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       S E K T S G A A S E S G G M L G A D A G
421  GCAGCAACGCGTTCCCGTGGAGCAATGCGATGCTCCAGTGGCAGCGCACCGGCTTCCACT 480
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       S N A F P W S N A M L Q W Q R T G F H F
481  TCCAGCCCGAGAAGAACTGGATGAACGACCCCAACGGTCCGGTCTACTACAAGGGGTGTT 540
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       Q P E K N W M N D P N G P V Y Y K G W Y
541  ACCACCTCTTCTACCAGTACAAACCCGGAGGGCGCAATCTGGGGCAACAAGATCGCGTGG 600
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       H L F Y Q Y N P E G A I W G N K I A W G
601  GCCATGCGGTGTCCCGGACATGCTCCGGTGGGCGCACCTGCCCATCGCCATGTTCCCGG 660
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       H A V S R D M L R W R H L P I A M F P D
661  ACCAGTGGTACGACATCAACGGCGCATGCTCAGGCTCCCGCCACCGTGTCCCCGACGGCC 720
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
       Q W Y D I N G A W S G S A T V L P D G R

```

FIGURA 2

	GCATCGTTCATGCTGTACACGGGTCCCAACAGCGCTTCGGTGCCAGGTCCAGTCCGCTCGCCT	
721	-+-----+-----+-----+-----+-----+	780
	I V M L Y T G S T N A S V Q V Q C L A P	
	TCGCCCTCCGACCCCTCCGACCCTGCTGCTCACCAAAGTGGACCAAGTATGAGGGCAACCCGG	
781	-+-----+-----+-----+-----+-----+	840
	P S D P S D P L L T N W T K Y E G N P V	
	TGCTGTACCGCCTCCGCACGTCGGGGAGAAGGACTTCGGGGACCCGACCACTGCATGGT	
841	-+-----+-----+-----+-----+-----+	900
	L Y P P P H V G E R D F R D P T T A W Y	
	ACGATGGCTCCGATGGAAATGTGGCGGATCGTCATCGGGTCCAAGGATAACCGCCGGCCCG	
901	-+-----+-----+-----+-----+-----+	960
	D G S D G M W R I V I G S K D N R R A G	
	GCATGGCCTTGACCTACAAGACCAAGAAGTTCCATGATTPTTGAGCTCGTTCCCGGAGTGC	
961	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1020
	M A L T Y K T K N F H D F E L V P G V L	
	TGCACCGGGTGCCCCGCGACGGGGATGTGGGAGTGCATCGATTGTGTACCCGGTTGGCCGGC	
1021	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1080
	H R V P A T G M W E C I D L Y P V G G A	
	CGAGGGGCATTGACATGACGAGGCGGTTCGGCGGCATCCAACAGCGGTGGTGGTGAAG	
1081	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1140
	R G I D M T E A V A A A S N S G G G E V	
	TTTTGCATGTTCATGAAGGAGAGCTCAGACGACGACCGACATGACTACTACCGGCTAGGSA	
1141	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1200
	L H V M K E S S D D D R H D Y Y A L G R	
	GGTACGATGCAGCGACAAACAAGTGGACACCGCTTAGATGCCGACGCGGATGTGGGCATCG	
1201	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1260
	Y D A A T N K W T F L D A D A D V G I G	
	GGCTGAGGTACGATTGGGGAAAGTTCTACGCATCCAAGACCTTCTATGACCCGGCCAAGA	
1261	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1320
	L R Y D W G K F Y A S R T F Y D P A K R	
	AGAGGCGTGTCATCGGGGTGGGTCCGGGAGACTGACTCTGAGCGGCGCCGACGTGGCCA	
1321	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1380
	R R V L W G W V G E T D S E R A D V A K	
	AGGGATGGGCTTCCCTACAGTGGATCCCTCGCACGGTTCGTGCTAGATACCAAGACGGGCA	
1381	-+-----+-----+-----+-----+-----+	1440
	G W A S L Q S I P R T V V L D T K T G S	

FIGURA 2 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

1441	GCACCTTATCCAGTGGCCGGTgGTGAGGTTGGAGACGGTCCGTACCAACTCCACCAATC	1500
	K L I Q W P V V E V E T L R T N S T N L	
1501	TCGGAGCATCATCGTCGAGCATGGCTCCGTCTTCCCTCTCAGTCTCCACCGGGCCACAC	1560
	G S I I V E H G S V F P L S L H R A T Q	
1561	AGCTCGACATCGAGGCTTCCTTCCGGCTGGACCCGGCTCGATGTGCGCCGCGCAAGGAGG	1620
	L D I E A S F R L D P L D V A A A K E A	
1621	CCGACGTTGGCTACAACTCAGCACCCAGCCGGTGGCGCGGCCGGTCCGTGGAGCGCTCGGTC	1680
	D V G Y N C S T S G G A A G R G A L G P	
1681	CCTTTGGCCCTGCTCGTACTCGCCGATGCCAGGCGCCATGGCCGGGACACGGAGCAGACCG	1740
	F G L L V L A D A R R H G G D T E Q T A	
1741	CCGTCTACTTCTACGTCGCGAGGGGCCCTCGATGGCAACCTGCGCACCCACTTCTGCCATG	1800
	V Y F Y V A R G L D G N L R T H F C H D	
1801	ACGAGTCACGGTCATCCCGTGCCAACGACATTGTCAAGAGCGGTCCGTGGCAACATCGTGC	1860
	E S R S S R A N D I V K R V V G N I V P	
1861	CAGTCTCGACGGAGAGGGCGCTGTCTGTTAGGGTTCTGGTGGACCAATCCATTTGTCGAGA	1920
	V L D G E A L S V R V L V D X S I V E S	
1921	GyTTCCGACAGGGTGGGAGGTCCGTGGTGAATTTCaACgGAGTTTtaACCCGACTGAGGCCA	1980
	F A Q G G R S V V X S T E F N F T E A I	
1981	TtTACGCCAATGCCGGGGTATACCTcTTTCAACAACGCCACCGGTGCCCGGGTCCACCGCA	2040
	Y A N A G V Y L F N N A T G A R V T A T	
2041	CCAGTCTyGTGTCATGAGATGGACCCCTCCTACAACCAGAACCCAGGCGGAGATGGCTT	2100
	S L V V H E M D P S Y N Q N Q A E M A S	
2101	CATTGTAAATCGAAGATGTACATATGTTTTTTGTGATAGCATGTTGCCAGTACAACATG	2160
	L *	

FIGURA 2 CONTINUACIÓN

2161	TGTGCTGAACATCGAGGGAGCCTGGATCGAGCCAAGGEGGAATGTGCTATCCCCGTAGGCAC -----+-----+-----+-----+-----+-----+	2220
2221	CACCCAAAACAAAACAAAATACGTGAGCGAGGCGAAACGGCAGGCCGGGAATAGACTGCCA -----+-----+-----+-----+-----+-----+	2280
2281	CAATTAGACCGGGAAAAGTGCCAGAGTGTTTTGATGAATTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAA -----+-----+-----+-----+-----+-----+	2340

FIGURA 2 CONTINUACIÓN

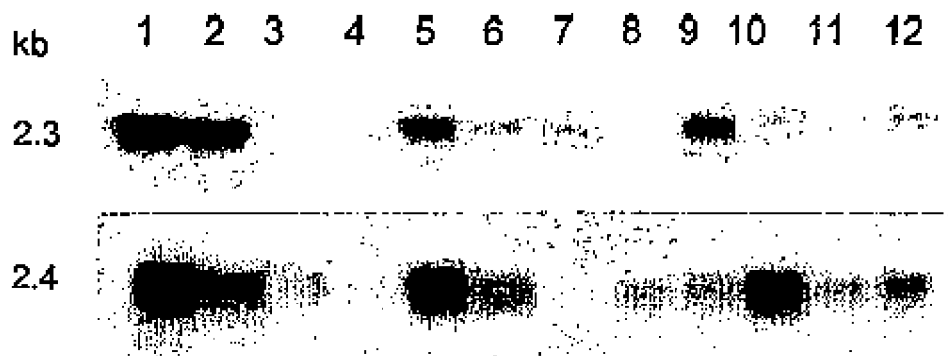


FIGURA 3

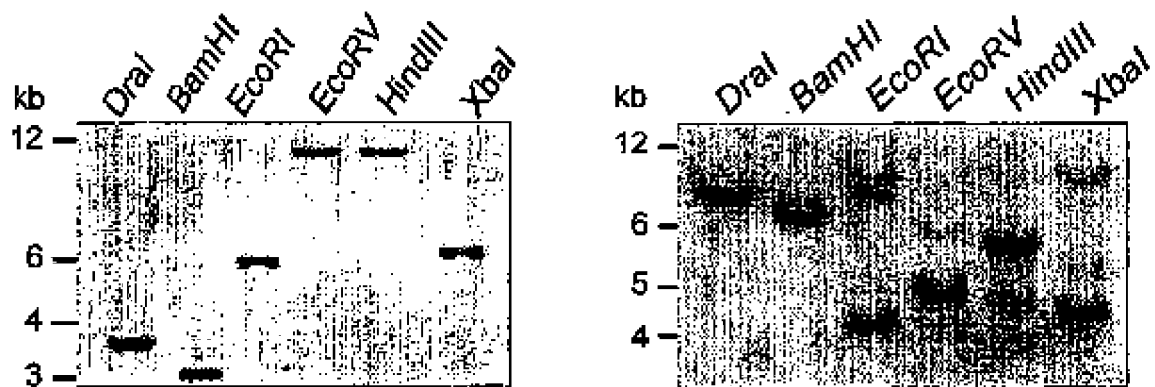


FIGURA 4

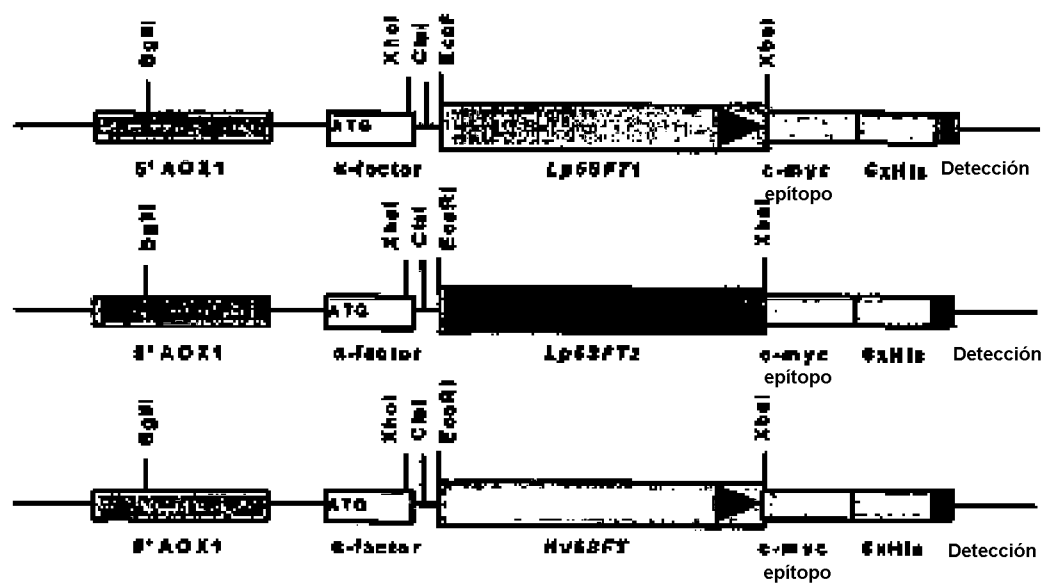


FIGURA 5

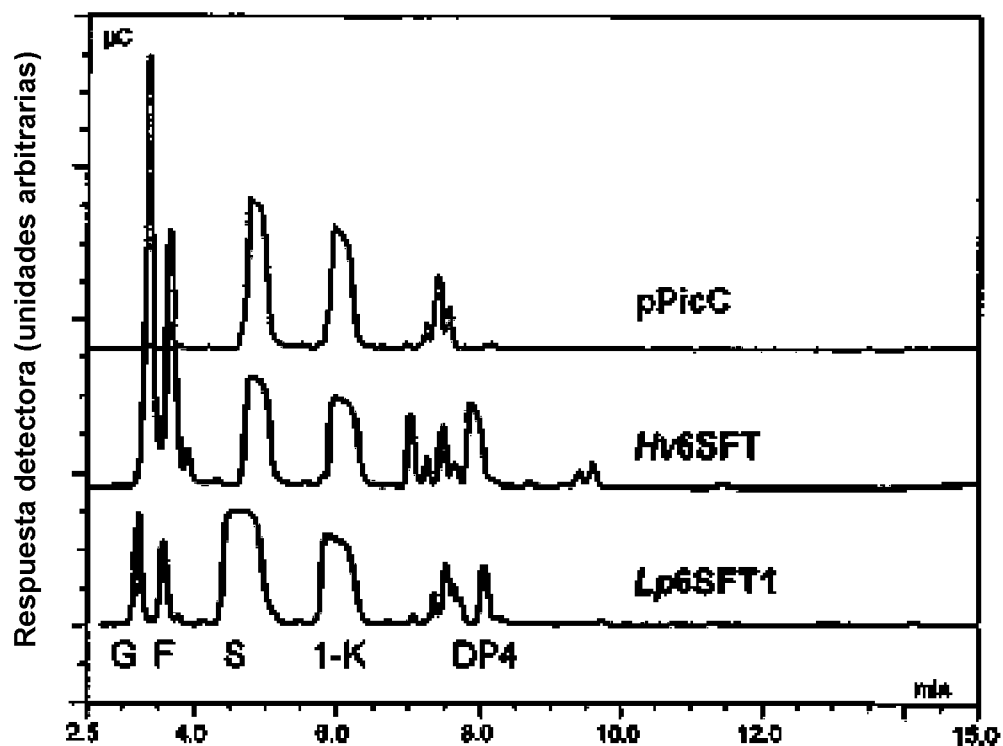
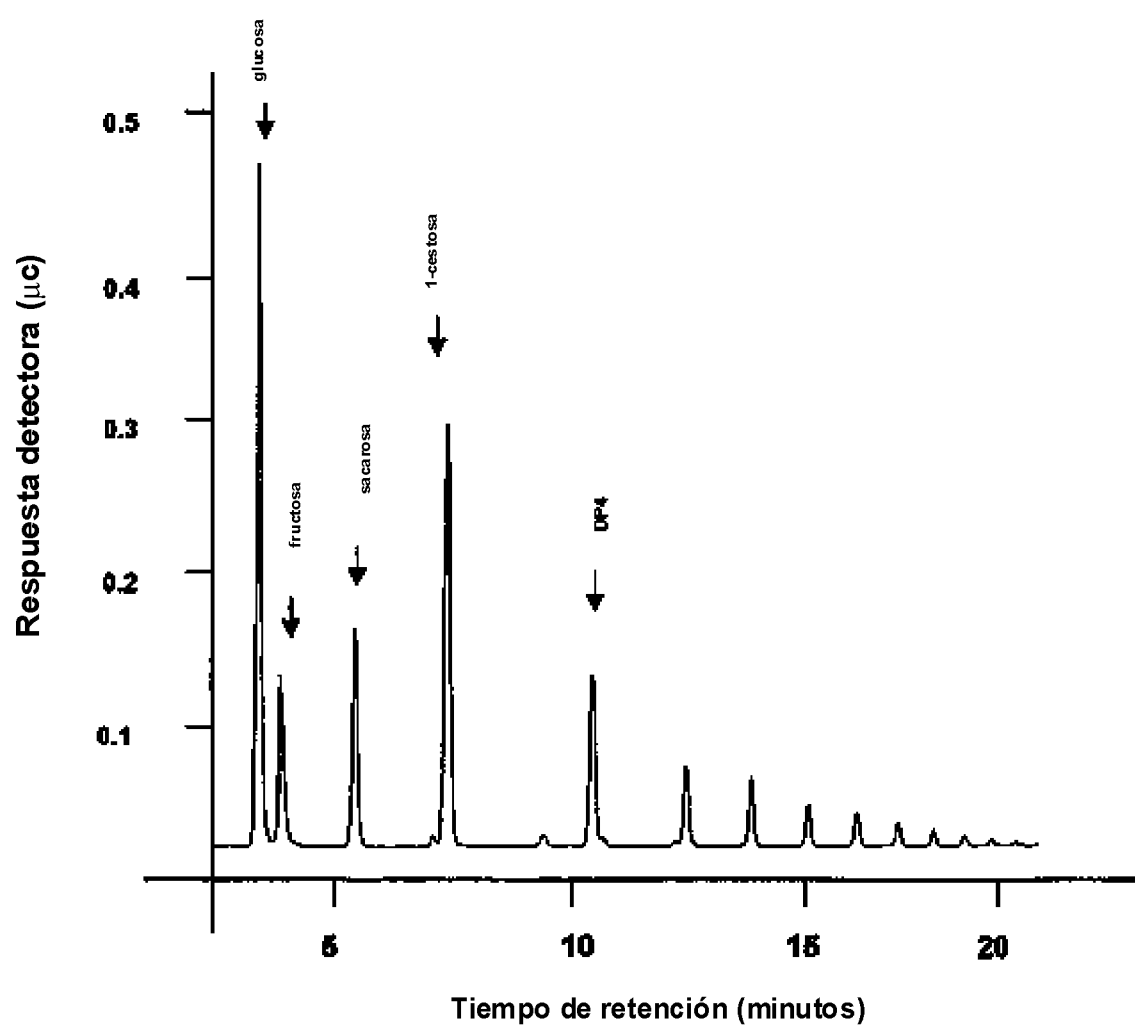


FIGURA 6

FIGURA 7A

A



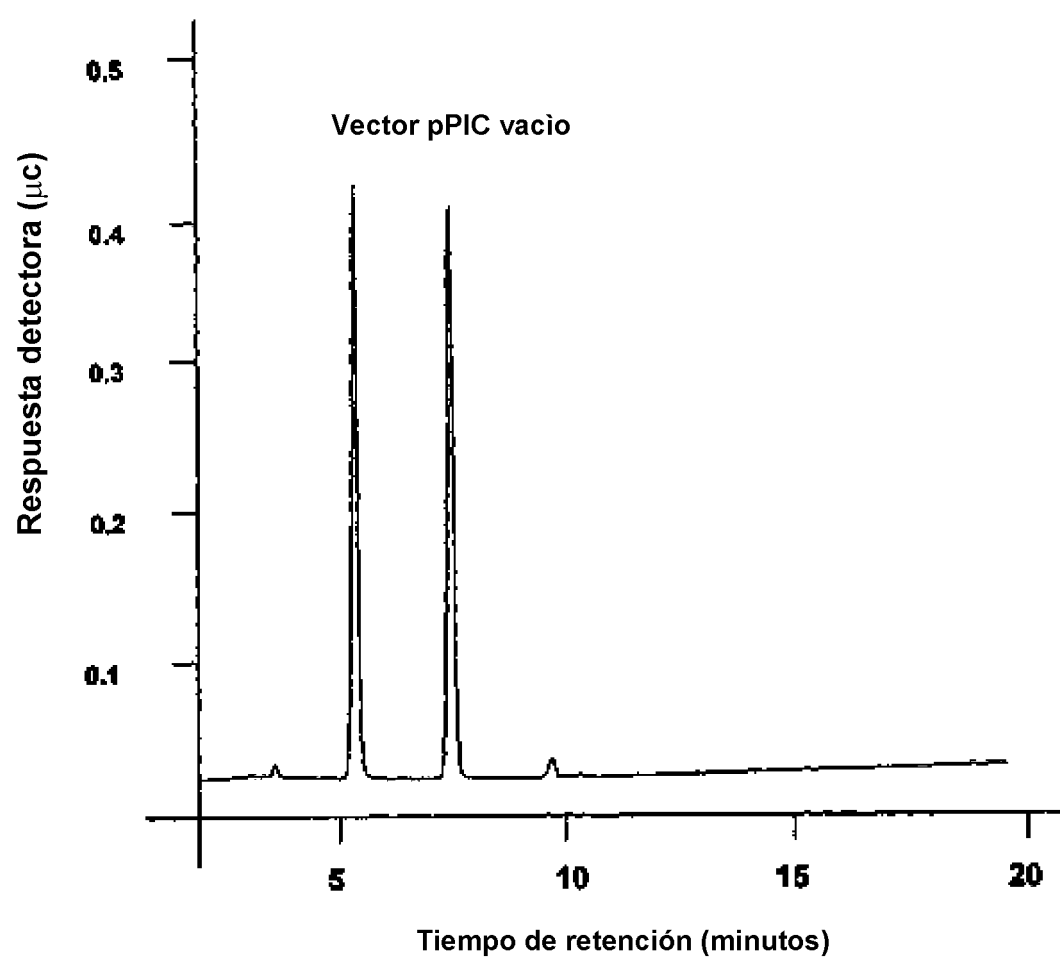


FIGURA 7B

1 GGCAAGAGCGGACGAGTGTGGGTACCATCAAGGTGCTCCACAATGGCACGCTGGTCTC 50
 G T S G R V S G T I T V L H N G T L V L
 61 CTCTACACGGGGTCCACAGAAGACCTATGGCCGAGTCCAGTGCATTCGCGTCCCGACCC 120
 L Y T G V T E D P M A E S Q C I A V P T
 121 GACCCCAACGACCCCTCGTTGGCATTTGACCAAGCACCCCGCAACCCAGTTCTCGCT 180
 D P N D P L L R H W T K H P A N P V L A
 181 CACCCACAGGGGGTCCAGGGCATGGACTTCCGAGACCCACCCAGCGGTGGTGGGACAAG 240
 H P Q G V Q G M D F R D P T S A W W D K
 241 TCCGACTCCACGTGGCGCATTTCTCATGGGTTCCAAGGACrAmrACAACGGCAGCCACGCT 300
 S D S T W R I L I G S K D X X N G S H A
 301 GGCwTCsCCTTCATCTTCAAGACCAAGGACTTCCTTAGCTTCGAGCGTGtTCCnAGKtAT 360
 G X X F I F K T K D P L S P E R V P X Y
 361 CGtTGCATCGTGtTCsArGGTwCCGGCATGTkOGAGTGCATGCACTTTtAACCCCGTTGGA 420
 R C I V F Z G X G M X E C I D F Y P V G
 421 GGTGGCCACAACCTCTTCGTGGGAGGAGTTGTACGTGATAAAGGCGAGCATGGACGACGAA 480
 G G H N S S S E E L Y V I K A S M D D E
 481 CGACACGACTACTACTCATTTGGGGAGGTATGACGCGGCAGCGAACACATGGACGCCATTG 540
 R H D Y Y S L G R Y D A A A N T W T P L
 541 GACGCGGAGCTAGACTTGGGGATTGGGCTGAGGTACGACTGGGGCAAGCTCTACGCTTCC 600
 D A E L D L G I G L R Y D W G K L Y A S
 601 ACGTCGTTCTACGATCCACTGAAGCAGCGGCgAATTATGTTgCGGTATGTAGCGGAGGTC 660
 T S F Y D P L R Q R R I M L G Y V G E V
 661 GACTCTGCGCGAGCcGACGTTGCCAAGGGATGGGCCTCACTTCAGTCGATTCCgAGGACA 720
 D S A R A D V A K G W A S L Q S I P R T

FIGURA 8

ES 2 338 864 T3

```

721 GTGGCACTAGACGAGAAGACCCGGACGAACcTCcTCCTATGGCCGGTGgAGgAGGTGgAG 780
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
V A L D E K T R T N L L L W P V E E V E

781 GCCcTcCGcTaCAACTcCACCGACcTcAGCGGCATCACTGTgAGAAcGGCTCCATCTTC 840
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
A L R Y N S T D L S G I T V E N G S I F

841 CACCTCCCTCTCCACCAAGCCAcTCAGCTGGACATCgAGGCTTCCTTCGGCCTCGATGCT 900
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
H L P L H Q A T Q L D I E A S F R L D A

901 TCTGATGTTGCTGCCATCAACGAGGCCGACGTGGGCTACAACTCAGCAGCAGCGGTGGC 960
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
S D V A A I N E A D V G Y N C S S S G G

961 GCGGCCGCTCGTGGCGCTCTCGGGCCCTTCGGCCCTCCTCGTCCATGCGCGCGAGACCTC 1020
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
A A A R G A L G P F G L L V H A A G D L

1021 CGTGGCGAGCAGACGGCGGTGTACTTCTACGTGTCCAGGGCCCTCGACGGTAGCCTcCGG 1080
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
R G E Q T A V Y P Y V S R A L D G S L R

1081 ACCAGCTTCTGCAACGACGAGACGGGTCTGTCACGGGCCAGGGACGTGACGAAGCGGGTG 1140
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
T S F C N D R T R S S R A R D V T K R V

1141 GTGGGCAGCACCgTGCCGGTGTCTCGACGGCSAGGTGTTAGCGATGAGGGTGCTCGTGGAC 1200
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
V G S T V P V L D G E V L A M R V L V D

1201 CACTCGATCGTGCAGAGCTTCGCGATGGGTGGGAGGGTCACGCGACGTCCGGGGTGTAC 1260
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
H S I V Q S F A M G G R V T A T S R V Y

1261 CCAACGGAGGCTATCTAcgCCAGGGCAGGGGTGTACcTGTTCaACAACgCCAACGGCGGCC 1320
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
P T E A I Y A R A G V Y L F N N A T G A

1321 AGCGTGACGGCGGAGAGGCTCATCGTGCAAGAGATGGCTTCGGCGGTATACGACGAGACC 1380
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
S V T A E R L I V H E M A S A V Y D E T

1381 GTCATGGTTAAGGACTCATAGCTGCTCACATGAGCTATCAGACCGGTAAcGTGGGTC 1440
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
V M V K D S *

```

FIGURA 8 CONTINUACIÓN

```

1441  ACTAGCATTTC AAGCGTIGAAATAATTTACTTGGCGTAGCAAGCCCCGGGTCCGAGGTT 1500
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1501  CCAAAAGTAAGGTGGGATATTCTTCCAAACGCCCGAGTCCCGCAAGGTGTCTAGGTGT 1560
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1561  GAGTGTGATGTCGTTTGGCGACCTGCCCGGTGTGCTTGTAAATTGCTGGATTTCGTTTC 1620
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1621  TTTACAGAAAAAAAGGATACTATACTATGTAAGTATCTACATTGTTGTATmmmmrrrrw 1680
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1681  AwwwAAzAAAAAATATATGCAAGCATGCATGCACGTTGTCTAAAAAaaaaaaaaaaaaa 1740
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1741  AAA
--- 1743

```

FIGURA 8 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

1	GGCACGAGCGCGGCTTACTCTGCTCGGCCGACATACACGTACGCCAGATCCCAACGGTCCGG	60
	H E P A Y S A R P T Y T Y A D P N G P V	
61	TCTACTATGGCGGATGGTACCACCTCTTCTACACGACACAACCCCTATGGGGACTCGTGGG	120
	Y Y G G W Y H L F Y Q H N P Y G D S W G	
121	GAAACGTATCTTGGGGACATGCCGTGTCCAAGGACCTGGTGAACGTGGCGCCACCTCCCGG	180
	N V S W G H A V S K D L V N W R H L P V	
181	TCGCTTGGTGGCCGATCAGTGGTACGACATCAACGGCGCTCCTGACGGGCTTATACAG	240
	A L V P D Q W Y D I N G V L T G S I T V	
241	TGCTCCAGACGGGGGTGTCATCCTGCTATATACGGGGAACACCGACACCTTTTCGAGG	300
	L P D G R V I L L Y T G N T D T F S Q V	
301	TCCAGTGCCTGGCAGTGCCTGGCCGACCCATCTGACCCGCTCTTCGTAGCTGCATCAAGC	360
	Q C L A V P A D P S D P L L R S W I K H	
361	ACCCCGCACAACCCCATCTTTTTCGGCCACCTGGGATCGGGCTCAAGGACTTCGGTGACC	420
	P A N P I L F P P P G I G L K D P R D P	
421	CGCTCACAGCCTGGTTCGAACATTCCGACAAACACGTGGGCGCACCATCATTCGATCCAAGG	480
	L T A W F E H S D N T W X T I I G S K D	
481	ATGACGACGGGCCACGCCGGCATCGKCTTAGCTACAAGACCACCGACTTTGTGAATTATG	540
	D D G H A G I X L S Y K T T D F V N Y E	
541	AGCTCATGCCAGGGAACATGCATYGTGGCCCCGACGGCACCGCATGTACGAGTGCCTTG	600
	L M P G N M H X G P D G T G M Y E C L D	
601	ACATCTACCTGTGGGCGGCAACTCATCCGAGATGTTGGGTGGCGAATCTCTACCTGAGG	660
	I Y P V G G N S S E M L G G D S S P E V	
661	TGTTGATCGTGCTCAAGGAGAGCGCCAAACGACGAGTGGCACGACTACTACGGCTTGGGT	720
	L X V L K E S A N D E W H D Y Y A L G W	

FIGURA 9

ES 2 338 864 T3

```

GGTTTGACGCTGCCGCCAACACCGTGGACGCCACAGGACCCCGAGGCGGACCTTTGGGATCG
721 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 780
    F D A A A N T W T P Q D P E A D L G I G

GCCTCAGGTACnACTGGGGCAAGTACTACGGCTnCAAGTTCTTCTACGACCCGATCAAGA
781 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 840
    L R Y X W G K Y Y A X K F F Y D P I K N

ACCGGCGTGTCTTTGGGCTTTCGTGgGCGAGACCGACTCTGARcCAGGCCGACAAAGCCA
841 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 900
    R R V V W A P V G E T D S E Q A D K A K

AGGGATGGGGCTCCCTyATGTCGATTCCCCAGGACsGTGGAGCTTGACAAGAAGACCCGGA
901 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 960
    G W A S L M S I P R T V E L D K K T R T

CGAACCTGATCCAATGgcmAGtGgAGGAGATCGAGACCCCTTCGCAGGAACGTCACAGACC
961 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1020
    N L I Q W K V E E I E T L R R N V T D L

TCGGTGGCATCACCGTTGAAGCCGGCTCCGTCATTCACCTTCCCCCTCCAACAAGGCGGGC
1021 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1080
    G G I T V E A G S V I H L P L Q Q G Q Q

AGCTTGACATCGAGGCCCTCCTTCGGTCTCAACTCTTCGGACATCGATGCACTCAACGAGG
1081 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1140
    L D I E A S F R L N S S D I D A L N E A

CCGACGTCGGCTTCAACTGCACTAGCAGCGATGGGGCAGCCGTGCGTGCGCTCGGCC
1141 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1200
    D V G F N C S S S D G A A V R G A L G P

CCTTTGGGCTCCTCGTtTTGCGCGACGGTTCGCCAGGAACAGACCGCGCGCTACTTCTACG
1201 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1260
    F G L L V F A D G R H E Q T A A Y F Y V

TGTCGAAGGGCCTCGACGGCAGCCTCCTGACGCACTACTGCCACGACGASTCACGGTCCA
1261 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1320
    S K G L D G S L L T H Y C H D E S R S T

CGCGAGCAAAGGACGTCGTGAGCCGGGTGCTTGGCGGCACCTGTGCCAGTGCTTGACGGTG
1321 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1380
    R A K D V V S R V V G G T V F V L D G E

AAACCTTTTCACTGAGGGTGCTAGTGGACCACTCCATCGTGCAGAGCTTCGTGATGGGTG
1381 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1440
    T F S V R V L V D H S I V Q S F V M G G

```

FIGURA 9 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

1441  GGAGGACCAAGGTGACATCGCGGOCATACCCGACGGAGGCCATCTACGCCCGCGGCAGGGG 1500
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
      R T T V T S R A Y P T E A I Y A A A G V

1501  TGTACCTGTTCAACAACGCAACGAGCGCCACCATCACCGCCGAAGGGCTCGTCTGTGTACG 1560
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Y L F N N A T S A T I T A E G L V V Y E

1561  AGATGGCCTCGGCCGAGAGTCGGCCCTTCTTGGCTGACgACATCTAGATGAAAaCTAGTC 1620
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+
      M A S A E S R A F L A D D M *

1621  AAGAACATGTCAATGGCGATCGTCAAGCTTGGCTGGATGGGGATCGTGGTCACAGAGATCT 1680
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1681  TCATTCCGAAGTTCGCGGTAATGTTGTAGCTAGGGTGGTCCCATTCGATGCTGTGGAGGG 1740
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1741  GCTGACGGCTCTCTTTGGACTGGATTGCGATCTGGCCAAGACGGTAGATCGAGAAGCCCT 1800
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1801  CGTCGCCCATGGCTGGGCAAAGCAGTnTGGACCAGAAGGTGTTGGTTTCATGTCGTTGCAC 1860
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1861  CTGATGACAAGATGGTGGCCAAACGAGGCATCCTGACTTCCACATCGTCTCTGCGCATGTC 1920
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1921  ATGCTCCTTACTATCTACCTCTCCCTTCTGTTAGTTTGTGGTCTGTCTCCTACCTG 1980
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

1981  ATGTAGCTCCAATCTTTGTTGCCGGTCCTTTTTTGTCCCACTTGTTCACCGnATnTTGC 2040
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

2041  CnAnGnACGCTTAnCTAAAnTGnTTCnAACAnGnTTCnAGCnTCnAAAnGnTTAAAnTTTT 2100
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+

2101  TGCTGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 2132
      -----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 9 CONTINUACIÓN

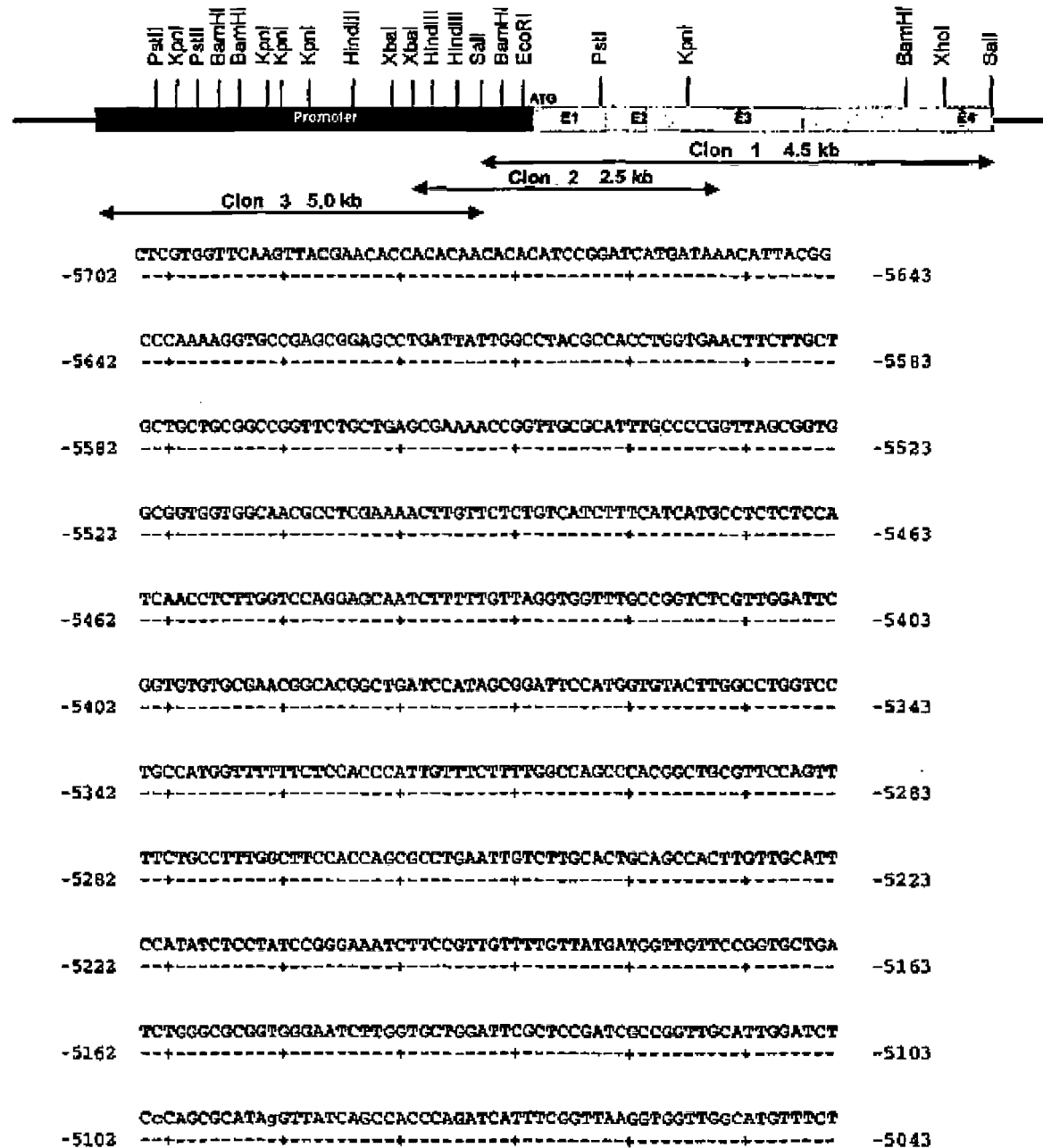
plp6SFT1

FIGURA 10

ES 2 338 864 T3

```

-5042  TGTGAACCTTTGCCAATAACGGTGAAGCCTCTCCGGCATCCATTGCTGAACCAAGCAATTTCC -4983
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4982  TGTGCTTCAATCACACCCCTCGCAAGAGTTTCTTGTGGAGTTCCACCAGGTCAGATAGCCC -4923
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4922  CGGTCTGTTTATTCTCCGGCTGTTGGACATGGCCAGCTGCTGCGGTCTGTTTGGCCTC -4863
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4862  CCGTATGTACTGCTGAAGTTGCTCACGAATGCTTCTTCAAAATCAAGCCAGCCGTTTATG -4803
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4802  CTTCCCTTTGGCAAAATTGTTGAGCCAAATGCGAGTCGGTCTTACCAGCACTGACGGTAG -4743
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4742  TATCTTACCACCCAGCCCGGTTTCTTTCGCCAGCTGCGGTTCCTCCACCTCCAGGACA -4683
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4682  TATACCGTTGTGTAGTAGTCTGCCAGCCAAATCTTCCGGCTTTGTGGTGGCATCTGTACGT -4623
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4622  TTTGTGTACAGGGGCAACTGAAAGTTGCGTACCGGTGCTCTTCCCTCATGATCCGCGG -4563
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4562  TCAAAACCTTGTGGAAACCGGCGGACCTCAGCCCTCGATCATCTCAGAGAAATATACCTT -4503
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4502  TGTCCAGGCTATGTGTCATCTCTATCCGCGCAAGCATCTTCTTCCCAAACGTTCTC -4443
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4442  CGAGAGGGTTTCGGTAAATTTCGGGTGCTTCCCATCCGTAATCGGCTTCATCATACCGGT -4383
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4382  TCGGTGCGACCGTGACACCCCTTGGGTACCTCAGCACTCTGCTCTTGTGCGAGCGTCTC -4323
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4322  CCGCTCTGCTGGGCGATAGTTTTCGCCGTTTCACCGTTTCGGGCACCAAGCAATTCGG -4263
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4262  CATAACCGTTTCGGGAGTGCCCTGCCCTTGGCTTTTTCACGGGATCGTGTGCCCCG -4203
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4202  CTCTCTGTTTTCGGGCCAAACCGGATCATAAACAGTCATCCGTGGTGCAATTTGCATCTT -4143
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4142  TTTCTCTCTTTTGTCTCGGATGGGGGACGAAGCATGCCCATGCCACTTGTCTCCGGCAT -4083
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-4082  TTCTTCCGAAACGACCAATTGCGATGCAGCAGCTGCTTGGTGTGTTTGGGGCATCTCTG -4023
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

-4022 TATTTTGTGCTCAATCATATCTAGCAGTTCTCCCTAGCTTGATGTTTGGCTAAGGCAT -3963
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3962 CTCTGAAAAGGAATCACATGCTTATACAGCAGCCCTAGTAGCTTTCAAAGTTTATCCG -3903
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3902 GACTGCTATACTTAGGTTTCTCTAOCATGATCAGAATACCGACACGCTCTTACCCGAAA -3843
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3842 GAACCTCCCGGCTAGATCCCTGATCTAGGTTACGACCTCTAAGCCGGTTCCAGCTACTC -3783
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3782 TAGCAGGGTTTGGCTTAACAGAAGCAAACCATGAGCAGCCTTATCTCAGCTAGGGTCA -3723
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3722 GGTTAGCTCCTGCTGAGCCTTGACGATGTTTCTGCACTGGAGACGACCTTCTGTCGTT -3663
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3662 GTGCTCCAGTTCCGCTTGGCTGCTGACGCTCCGCTGTTGTTGCTGATGGGCGTGGCCA -3603
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3602 ACAAGCTCATGCCCCCTTGCAGTGGGCTTCTTCCGGTGGCGCGGTAGAAGCACCGGCGA -3543
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3542 CGATCTCATCGGCTCGGTCGGAGGCTTGGCCGTGCACTGGACTTGGTTTCCAGGGCC -3483
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3482 CCTCCCTGCACTTTCTTTACCGGCGGCTCCAGCGCCAGCCATCATCACCTCCACGCTGT -3423
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3422 CCGCGGGCGGCTGCTAGCGCGGCCCGGAGAACTGAAGACCTTGGCGGATCCGGCGCCA -3363
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3362 CCAGCAACCAGCGATGGGTACTGGGCTCTGGCACGGTGCCGAAGTAGATGCGGTGGGAGC -3303
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3302 CGGACTCGAAGATGCGGCCGTTCTTGGGGAGCGGCCACCGTTGGTGAAGCAGCCTGCGT -3243
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3242 TGTGTTTACGAAATCCAGCGAGCCGTAGACGGTGAGGAGGCCCTGCCCTGGATATGAACTC -3183
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3182 CAGCAAGCGCAGCTGCTGGCCCCATGGTGGCGGCCAACTGTGCTGCTGGTGTAAACACAG -3123
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3122 ATGCCATAGGATGGCTTAAGTTGGGCGCCAAATGTGCGCTAGAGGATCCGGGGAGGGTTT -3063
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-3062 GGTTAACAGGGAAAGAGAGAAAAGAGCTGGTATGTATTGATGAACTTGGCCGATGGCCA -3003
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

-3002  GAGGTTGAAGACAGTACGGTACAGGACCTTAGCAACTTGCTACTAAACTGCCTAATTTCCT -2943
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2942  CTATTGAATCGATCTCTTCGTGCTAGGGTGTACCCCTCTCTTATATAGGGGAGAGGGT -2883
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2882  GGCTTACAAGGGAAGAAACCTTAATGGAAATCTTTGATGAGCTAAGCTACTTTATAAAGCT -2823
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2822  ACTCTGGCCAGCTGACACCGGCTCTATCTTTAATCAGGGACTGATGACCTCGGCCGGTA -2763
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2762  TCTTTTACGTCACCTTCTGCTTTGGTGCCAGGGCTTCGATTAAAGCTGAAGTGCTTCGCT -2703
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2702  CATCTTTGTCCTTTAGTCCTTGGTGGAAATCTTTGGCTGAAGTCCCGACAGCTACAGTGA -2643
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2642  TCCAATACCGGTTTGCCGGTACCTTTACCTCTGAGTCCCGTACCTTGCTCCTTGGTGAT -2583
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2582  ATGGCCCTCCTTATGCCAGGACTCCCGTATACCCCTCTGGGATACCGGTTCTGTACTAGC -2523
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2522  TTCGCCCTAGCTAAGATTAACTTTAGAGTCCGGATCACTCTTTGATCCGGTTTATAACTAC -2463
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2462  CATATTATGGCTTATTTGCCATAGTCTTTGCCCTACCGGGGGCATCCCCCGACAGCCCC -2403
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2402  TTACGCCGCCCTGATGTTATCATTTGGACGGCAGGCGTTTCCTGGCCAACTGCCATAGGAAG -2343
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2342  CACCTTCCTTGGGACCATGATCTGCCACAAGTCACTGAAGTGCTTGAAGGGGTGCCCTG -2283
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2282  GCAGAGCTTAAGGTACAAAGACCGCACTAAGAATCTCCCGAAGATTCTAGCGCCCAAGT -2223
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2222  AACCTTATCTTTGCAACCTGAGGTGGGTGGTACCTTGAACCTCCCGCTGAGGTTAGACAA -2163
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2162  ATCAACACGATCCCCAAAGCCAGCCCGCGCGGAAACGGTAGATGTCAGGCCCCCCCCACA -2103
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2102  ACGAGAGGAGTCGGGTCGAGGCTCTCTGCTCAGTCACAATGGCAAGAGCGAGGGGAACC -2043
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2042  TATCGAACAGGGGTCCCGACCCCTGCCACTAGTCTCTGATAGAAGCTCGCCGCTTACCAT -1983
      --+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

	TATGCACGTGTCGTCTCGCCCCAAGCGAAAAAGGTGGTTTGAGTTCCTCGATAGAGTTCC	-1982
-1982	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1923
	AGAACTCGGAGCCCGGTCGGTGTGCATCTAACATCAGGTCCTTATCCCTGAGGTACTTGT	-1922
-1922	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1863
	TCCGTAGGATCTCCGCCAGAGGCCTTGCTCCCLAGCATAAAGCCTCCAGATCCACTTA	-1862
-1862	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1803
	CCCACAGACACGCCTTCATGAGCCTGGTGTCCACAATTCCAAGCCCCCAAGCTCTTTGGC	-1802
-1802	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1743
	CTACAGATCCGCCACCACCTCACCCAGTGGTATTTCCGCTTGGTACTGCTGGCTTCCCAA	-1742
-1742	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1683
	TAGAAGCGTGATCGGTGTCTATCCATAATGATGTTCGGGCCCTCCCCAGAGGAAAACC	-1682
-1682	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1623
	GTCATCGCCATGGCATGAAGCGGTAGGCTAGATAAGCAAGTGTTAGTGAGGGTCAGCCLA	-1622
-1622	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1563
	CYCCGCAGAGSACATAAGCTTCCCCATCCACGGCTCGGCGCTTACTACCTTGCCAT	-1562
-1562	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1503
	AAGAGGACCCAGTCCGCGGCGAGTGAGAGCGGATCACATGATCGGTAGCC=CATGTATG	-1502
-1502	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1443
	AGAATGSAAAGGACCCAGTTTGCAGTTGAGCATATCGCGGATCTTGGGCCATCTTCCT	-1442
-1442	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1383
	GATCCATACCTAACACCATAACTCACTTTGTGGAAATGATCCTTAGGCCCGACATGC	-1382
-1382	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1323
	TCTCARAACAGAGCAGAATGTACTTCAAAATTGGCCACGGCCAAATCATCAGGCTGGATCA	-1322
-1322	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1263
	TAATAATGGTGTCTGCAGCATATTACAAGTGAGATACCCCGAGTATCAAGTGTGGGATT	-1262
-1262	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1203
	ACCCCGCGAGTATBACCGGCCCTCTAGCTTTCTCTAGAATAGCAGCTAGGGCTTCGACA	-1202
-1202	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1143
	ACGTAGTCGAAGAGAAATAGGGGATAGGGGBTCACTCTGGCGCACCOCGCCCAATTGGCA	-1142
-1142	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1083
	AAGTATTTCCCAATGTCTCCATTAAATGGAGATTGCAGTCTGGCTACCGAGACCAGACTG	-1082
-1082	+-----+-----+-----+-----+-----+	-1023
	BGGSCCTGTGCACmTaAGTTGGCTCAAAacCCCTTGCATATAAGrmCCTCACGGAGGA	-1022
-1022	+-----+-----+-----+-----+-----+	-963

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

```

-962  AAGGACCAGTTCACCCGATCATAGGCTTTCAGAACTCTAATTTTAGGAATACTCCCTT -903
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-902  AAGCTTCCTGGACTTGGATTCATGGATGATTTCTTGGAGGGCCAGAACGCCCTTCGTGA -843
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-842  ATGTGTCTCCCTTTGATAAAGCCGGATTGGGAACGACTAATGTCATGTGCGCAATAGGG -783
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-782  GATAGCTTAGTGGCATAAGCTTTGGCAACAAACTTAAAAATCACATTAAATCAGCGCAATC -723
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-722  GGCCTAATGTGTACATTCCTCCATCTCTATGGTTTCTCGGCCACATATTTTATATGC -663
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-662  CCGAACCGTGGCCAACCGCTAACTGGAAATGGCCCAACATGGTGACCATGTWAGAGA -603
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-602  CTCTAGGTTCATGGTCAAGACGATCATGTACGTAGAGGGCAAAAAATTCATGTGAGGT -543
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-542  TAAACCGGTCGGGAGAAGAAGCGGCAGCGCGCGCGCGCGCGTCCGACacggtCTGAGGTTG -483
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-482  AAGATGAAGGGCATCTCAAGATTTCCATTGTAAATTTTATTTTCCTTCGGGATGTCTTCT -423
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-422  TTTAATGCTAAGGTTTTATTCGCAAAAAAAAAAGAAATGGGTTCGGGAACAACGAAAAG -363
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-362  GAATGAGTAACAAGGCATATACAAAAAAGATTATGTACACACGGTCACAGGAATAGGG -303
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-302  AAGGGAAGGATAGAGAATAAAAGTGCCTAGAAATGGAAGCACTATATATCCAAAAG -243
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-242  AAAAGAAATCAACCGGCGAGCGATAAGAGAGGATCCACCGATCTCGTAGGGTCAATGTC -183
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-182  CATTTACCCCTCGCTGACCGCCCGGnCCCACACTCCAGCCACCCCTCACCGGCTACGCAC -123
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-122  GCGCTTCATCCCGCGCCCTGTTTCATTnGGGnnCCCGCGCAGCTATAAATCCCGCTC -63
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-62  GTTGGCTCGCTCGGGAGCCACATCCATCAGAAATCTGCTGCATTGTGTTTGGGAATTGGC -3
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-2  CATGGAGTCPCGGTCCATTCGGGCGGTACCGGTACGAGCGCGCTGCCCCACTCCTACGA 57
      +-+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      M E S R S I E G A Y A Y E P L P R S Y D

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

```

958      CCACACCTTCCTTAdCTGACTCTACTTTAGTATAdATTTCATCTCTTATAACTAATCC      1017
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1018      TTGTTTTCATCTATdTAAGGCCTGGATTtATCTAATCTTtAAATtTCyTtGcAGGTCGGG      1077
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      G P V
1078      TktATTACCGmGGATGGTACCACCTCTTTCTaCCAGTACAACCCygaAGGGGrCGGTGTGGy      1137
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Y Y R G W Y H L P Y Q Y N P E G X V W G
1138      GCAACATCGCGTGGgGCCACGcyGTtTCyCGGGACCTtGTCCACTGGCGCCACCTCCCGC      1197
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      N I A W G H A V S R D L V H W R H L P L
1198      TCGmATGGTGGCyGACCAATGGTAcgACATCAAmGGTtTCTGGACtGGCTCCGCCACyG      1257
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      A M V P D Q W Y D I X G V W T G S A T V
1258      TGTtCCCCyGAYGGGACmCTCAACAfGCTCTACACGGGGTCCACCAACGGCTCCGTCAGG      1317
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      F P D G T L N M L Y T G S T N A S V Q V
1318      TyCAGTGCCTTCGCCGTpCCCCBAGBACCCCAmSBACTCCyTCTTCCGCAsctTGGACCAAGC      1377
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Q C L A V P E D P X D S N L R N W T K H
1378      ACgAAGCCAAyCCCGTGTCTCTCCCGCTrCCCCGGATCGGwGACAAGrACTTCGGtGACC      1437
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      E A N P V L L P P P G I G D K K F R D P
1438      ChACCACCCGCTTGGTfCGAYGASTCCGACCAAGACTGGCGGCACCGTCATCGGStCCAAGG      1497
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      T T A W F D E S D Q T W R T V I G S K D
1498      ACAACACGGrCCAYGCCGGyATsrCCATGGTGTACAGaCCmargACTTCCTcAACTAsG      1557
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      N N X H A G X X M V Y K T X D F L N X E
1558      AGCTCATCySaggAtACTTGCATCGtGTGATGGCACTGGCATGTGGGAGTGCATCGACT      1617
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      L I X G Y L H R V D G T G M W E C I D F
1618      TCTACCCCGTTGGAGGCAAGAAACGGCAGCGAAGAGTTGTACCTtATCAAGGAGAGCAGCG      1677
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Y F V G G K N G S E E L Y V I K E S S D
1678      ACCACGACCGACATGACTGGTACACGCTAGGGAAATACGACGCGGCACGCCAACACGTTca      1737
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      D D R H D W Y T L G K Y D A A A N T F T
1738      CGGCCCGGgACCCGAGAACGACCTAGGBATtGGGCTGAGGTACGACTGGGGCAAGTTTT      1797
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      A A D F E N D L G I G L R Y D W G K P Y

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

1798  ACAGGTCCTCAAGACCTTCTACGATCCGGCCAAgAACCGGCGAGTCTCTGGGATGGATCG 1857
      A S K T X Y D P A K N R R V L W G W I G

1858  GCGAGACCGACTCTGAGCGCGCCGATGTGCGCCAAgGGATGGGCATCCCTCATGGTATGCT 1917
      E T D S E R A D V A K G W A S L M

1918  CGCTTTTCCCTTACTGCTTCTCACTTGTGTTTGGTTATGCATATGTTAGTTCATCTCAT 1977
      -----

1978  ACATCCTGCAATTGATCAGACCTTCAACTGCTTAATCGAAATGTGTATGCAAGCATGCA 2037
      -----

2038  TATATATGCTGACGGATCGGCCCCCGGACACATACGTTGGCAGAGAAGTGTAAATCGCAT 2097
      -----

2098  TGTCAATGGGATGAGAATGGATTTFATGTCTGCTAATTGGTCCGTGGGATFGGCGAGCTG 2157
      -----

2158  TCRGCAATCGATTAAATTGATACACAAGTCCGAGTCATGCCGTTTAAAGCTTTTCTTTTCCT 2217
      -----

2218  GTTTAACCACCTACCTACCTATAGGTCCCATGTCCGCCAGCTATATCGCTCTTGAGAAGAT 2277
      -----

2278  TGAAATCCAAGAGCAAGTACAATAAGATCTAGTCAGCTGGCTACAAGGATTAAAAATAATA 2337
      -----

2338  TATTGTGTCTAGTTGGAGGAGAGATAGGAGGAGAGAAATGTGAGTATGCTCTTATGCA 2397
      -----

2398  AGAGCTAGCTCTAGCACGTGCTCCTAGGCAAGGTGTGTGAATGAAAGGTGGGTATCCAT 2457
      -----

2458  TGAAAAATAGTACATTCTAATAGCCAACTATTGTACTTGTTCGGCTACATGTTGACTATA 2517
      -----

2518  GATGACATGGCATCTTGCTTATAGCCCCAACACCGGCTATACCTATTGGAGTTGCTCTTAA 2577
      -----

2578  GATGACAACTGGGATTAAAAAGTCCATGCAATGTTCCGTGAGATCTTTAGTTAATCCCAA 2637
      -----

2638  CTCATGCACCTAATTAAGATGTACCAGTTGACCTGACTGTGCAACGTACGTACCCATAC 2697
      -----

2698  CCTTCTCGAAGCTATTAGTATAATGCATGTAAACCTTTTGGTGAATCTCTCTCTGTGTA 2757
      -----

2758  GGTCTATTAAGTATTCAAATGAAAGGCTAGCTGAATTTCAAGAGTACTTTTCTCTGA 2817
      -----

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

2818 CCAGTTCATATTCTCCGTTCATCTTCCAAACTTTGGTCAACGGGTGCAAGCCAAGTGT 2877
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2878 CATTTCTCAACAACATGTTATAGCAAAAGACTATATCCNACCCAACTGGCATGCATGTGCC 2937
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2938 CTAGCTAGACACCACATGTGTCACGCCACGTGATGCCACGTGGAACCACGTGGATGCCCTA 2997
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2998 AATAAATGTATCGATGGCTTCTGATGCTGACCGTTATGATTTGCCAACCGTATCTTAATTT 3057
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3058 ATCTGCTCCACGCTAACCCACCAAATTTCAACTTTCTCTACCTTCCCTGCTCGAATAGAC 3117
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3118 AGGATCTGCATGCTAATAATTATGTAATTTGATTAGTCGTGCCAAACATGGATCCGACTAAT 3177
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3178 CGTTCTTATCGAATTTGAACATTCTTTACTCTTTGTCATATGTCACACCAATTTGTTCTG 3237
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3238 CTCTTGTAATTTCTCTTTTCCAAGATGTTGATGTCCATAATGCGTGATGATCATTTGGACC 3297
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3298 TACCTCTGCTTGAATTTATTTTAACTAGAAAATGATTGATTGATGTTGCTTGCAGTCGA 3357
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
                                                                S I
3358 TTCCGAGGACGGTGGAACTCGACGAGAAGACCCGGGACCAACCTCATCCAAATGGCCCGTGG 3417
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      P R T V E L D E K T R X N L I Q W P V X
3418 AAGAGCTCGAGACCTCCGCATCAAGTCCACCGACCTGGGTGGCGTCAACATCGACCAAG 3477
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      E L E T L R I K S T D L G G V T I D H G
3478 GCAGCGCTTACCCACTCCCTCTCCACCGGCCACACAACTCGACATTGAGGCTCTCTTCC 3537
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      S V Y P L P L H R A T Q L D I E A S F R
3538 GCATCGACACTGCCACCGTCTCTGCCCTCAATGAGGCTGACGTTGGCTACAAATTCAGCA 3597
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      I D T A T V X A L N E A D V G Y N C S T
3598 CCAGCGGTGGCTCTGCCAACCGTGGCGCACTCGGCCCCCTTTGGGCTCTCTGTCCTCGCCG 3657
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      S G G S A N R G A L G P P G L L V L A D
3658 ACGGTAAGCCAGAGCAGACGGCAGTGTACTTCTATGTGCCAAGGGCCCTCGACGGGAACC 3717
--+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      G K A E Q T A V Y F Y V A K G L D G T L

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

```

3718 TCCAAACCCACTTCTGCCACGACGAGTCAACGGGTCGACGGTATCGATAAGCCnTGATATCG 3777
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Q   T   H   F   C   H   D   E   S   R   S   T

3778 AATTCCCTGCAGCCCGGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGGCCGCCACCGCGGTCGAGCTC 3836
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 10 CONTINUACIÓN

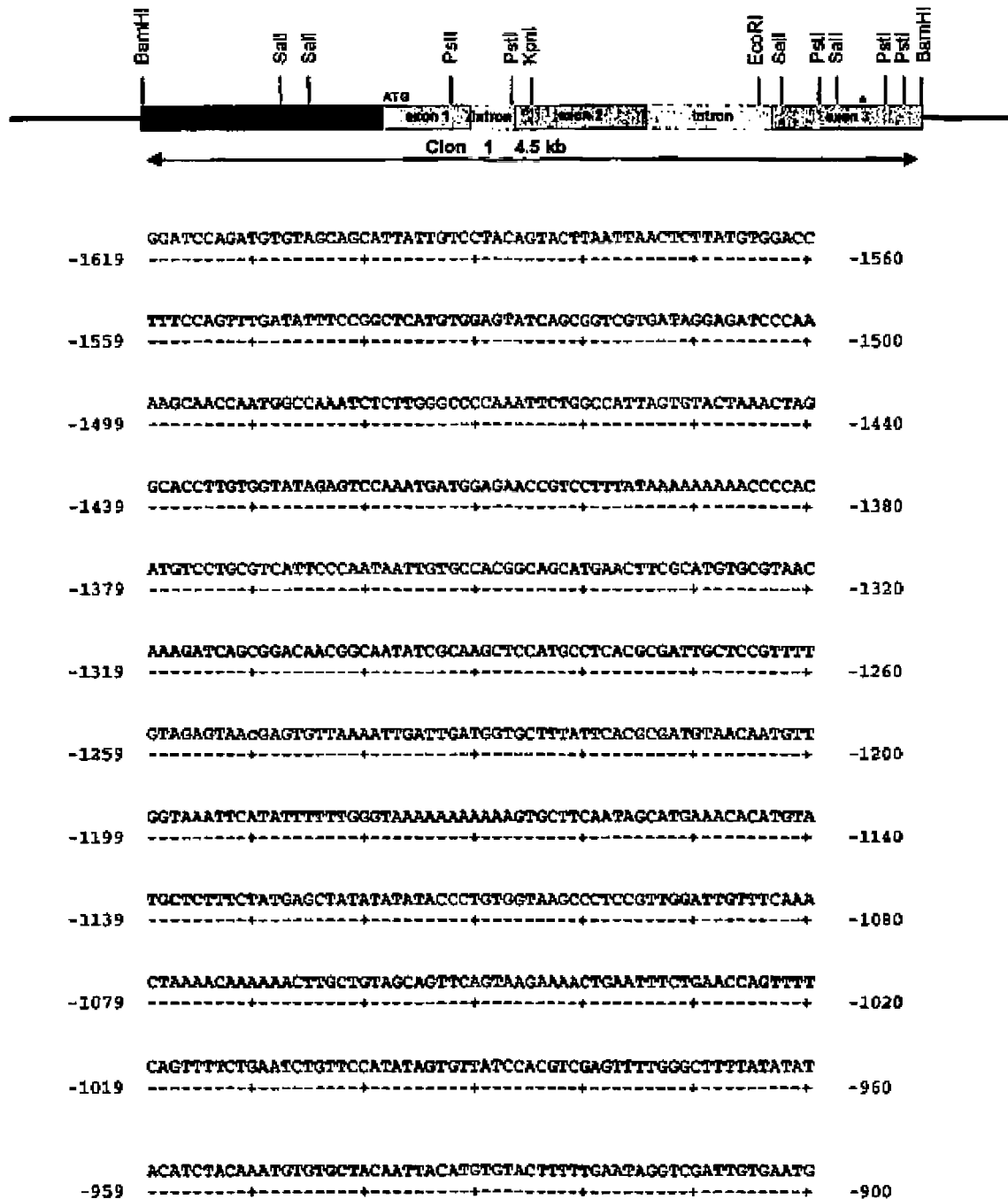
plp6SFT3

FIGURA 11

```

-899  CTTTGGCAAGCACCTCTAAAAAATTAGATTAGAGGCAACCCCGTTACAGTACACCCCTCA -840
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-839  TTGTTGGTCGTGACCTATTATCTCCCTACGGCCCTCTTGTACCGTCTATAGAACGGTCmC -780
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-779  ATTGACATCTACAAATTTCaCCTTTGTAATCgGACACTATATCATTCTTAAAGATTCAAT -720
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-719  GGTAAcGCTCAAGGGCAATCAATTTCAACCCCAACGAACTCGGACGGTTTGTCTGATGATG -660
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-659  ACCTCTTTCTCCGGCCCTCTAGGATTCTCCCCGACCATAAGTTGATGCTTTCAAACAACCAG -600
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-599  CTGGGTGAGACAAACACCCATTGCTAGAGAGACACTaTATGTTTTGTTTcCCAGCTAATTTA -540
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-539  CTGCACGGCAACTATCTGTACTGGAATTTCCCTGtgGGTATATATAGTAGIATTTCTTCAAT -480
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-479  TAATUGCATTTGAAAAATAAATATGTTTGGTGAGGCTTGAAGCACATATAGGATGGAGAA -420
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-419  GAGACTGTGTCCACAAATATAGATCTACTGCTACCTCGCCCAACCTAGTAAGTAAGTAGA -360
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-359  GTGATGGAAATCAGCTGAGCGAGCCCGTCCAGAGCTGGGATATGCGATCTCAATGGCCAA -300
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-299  TGTGCGGCTTCTCCGTCCCTGACCCCGTGGGCCCCACGAGCCAGACGTGTCCGTGCTGGCG -240
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-239  CACCTTGCCATTTTAATCTTTAGCCCGATCAACGGACGGGAGCGCTCGACGGAGACCGGT -180
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-179  ACGTACGTACGTACAGGCTGTTCAAACTAGTCTATTGTACGCCAACGGGCCAAAACCCCT -120
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-119  GCGAAAACCCCTGCTATAAATCGCGGCCGCTCGCTCCTCCGTCCATCCATCCACCG -60
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-59  CCCAGATCAGCCCTTCTCGGAACCATCGACCGGGCCGCTGGCCBACGGACCGCBACGCCAT 0
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

M

FIGURA 11 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

1  GGAGTCCCAAGCGCGCTCGTCCCGGACCAACGGCGCGCTGCTTCCTTATGCGTACGC 60
   E S P S A V V P G T T A P L L P Y A Y A

61  GCGGCTGCGGCTCGTCCGCGACGACGCCGTCAAAACCGGAGTGGCGGGAGGTGGCGCGC 120
   P L P S S A D D A R Q N R S G G R W R A

121  GTGCGCGGCGGTGCTGGCGCATCGGCGTTGGCGGTGGTTCGTCGTGCTCGGCTCTCTCGC 180
   C A A V L A A S A L A V V V V V G L L A

181  GGGCGGACGGGTGGATCGGCTCCCGCGCGGAGACGTGGCTCGGCCACGGTGGCGGC 240
   G G R V D R V P A G G D V A S A T V E A

241  CGTCCGATCGGATTCGCCAGGCGGGCAAGGACTTCGGGCTGTTCGGAGAGTCTCTC 300
   V P M R P P R S R G R D P G V S E K S S

301  CGGTGCGTACTCCACCGACGGCGGGTCCCGTGGAGCAACGCCATGCTGCAGTGGCAGCG 360
   G A Y S T D G G F P W S N A M L Q W Q R

361  CACCGGGTTCATTTCCAGCCGGAGCAGCALTACATGAACGGTACgGgGCATGCAGTTGT 420
   T G F H F Q P E Q H Y M N

421  TGCTATCTAGTAGTGTTCAGATTCAGATTTCGTTTTCGCCCTTGATCTGACGPACGTAC 480
   -----

481  GTGGGTCTGATTCGTGATcATGGATCGTTCGAGGAAACCAgCTAATCGATTTCCTGTTFGT 540
   -----

541  CTGTTCGCGCGCGCGGPAFTCTGCAGATCCCAACGGCCCCCTGTaCTACGGCGGATGGTAC 600
   -----
               D P N G P V Y Y G G W Y

601  CACCTCTTCCTACCGACACACCCCAAGGGTGACAGCTGGGGCAACATCGCGTGGGCCCCAC 660
   H L F Y Q H N P K G D S W G N I A W A R

661  GCGGCTCTCAAGGACATGGTCAACTGGGCGCACCTCCCTCTCGCCATGGGTTCGGACCAg 720
   A V S K D M V N W R H L P L A M V P D Q

721  TGGTACGACAGCAACGGGCTCTCACCGGCTCCATTCACCGTGTCTCGCGACGGGCCAGGTC 780
   W Y D S N G V L T G S I T V L P D G Q V

781  ATCTTGCTCTACACCGGCAACACCGACACCCCTAGCCCCAGGTCCAGTGCCTCGGCCACGCCC 840
   I L L Y T G N T D T L A Q V Q C L A T P

```

FIGURA 11 CONTINUACIÓN

```

841  GCGACCCCGTCCGACCCCGCTCCCTCCGCGAGTGGGTCAAGCACCCCGCAACCCATCCTC 900
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      A D P S D P L L R E W V K H P A N P I L

901  TACCCCTCCCCCGGCATCGGCCTCAAGGACTTCCGCGACCCCGCTCACCGCTGGTTTCGAC 960
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Y P P P G I G L K D F R D P L T A W P D

961  CACTCCGACCACACCTGGCGCACCCGTTCATCGGCTCCAAGGACGACGACGGCCACGCCGGC 1020
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      H S D H T W R T V I G S K D D D G H A G

1021  ATCATCCTCAGCTACAAGACCAAGGACTTCCTCAACTACGAGCTCATGCCCGGGGAACATG 1080
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      I I L S Y K T R D F V N Y E L M P G N M

1081  CACCGCGGGCCCGACGGCACCGGAATGTACGAGTGCATCGACCTCTACCCCGCTCGCGGGC 1140
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      H R G P D G T G M Y E C I D L Y P V G G

1141  AACTCGTCCGAGATGCTCGGCGGGGACGACTCGCCCGGGCTGCTCTTCGTGCTCAAGGAG 1200
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      N S S E M L G G D D S P G V L F V L K E

1201  AGCAGCGACGACGAGCGCCACGACTACTACGGCGCTCGGGAAGTTTCGACGCCGTCCGCAAC 1260
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      S S D D E R H D Y Y A L G R P D A V A N

1261  GTTTCGACGCCCATCGACCGGGAGCTGGACCTTGGGATCGGGCTCAGATACGACTGGGGA 1320
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      V W T P I D R E L D L G I G L R Y D W G

1321  AAGTACTACGCTCCAAAGTCTTCTACGACCAGAAGAAGAACCGCCGCATCGTATGGCA 1380
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      K Y Y A S K S F Y D Q K E N R R I V W A

1381  TACATCGGCGAGACCGACTCCGAGCAGGCGGACATCACCAAGGGATGGGCCAATCTCATG 1440
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      Y I G E T D S E Q A D I T K G W A N L M

1441  GTATGCACTTGTACAAATCCACATCATTCCTCTGTACTTAGTAATAGTACCTTATTTGC 1500
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

1501  ATATATTCTGTCAATTATCATCTCTCAkGyTYCATCGCCGGCATAAGCATGGAGGACGACT 1560
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

1561  AGCTAACACTATTAGACGGACGCTTGTGCGCTTGTTCCTTCTTCGTTTAACGGTCACCTC 1620
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

1621  TCGGTTCTACTGTAGGCAGGTCACTATCGTAATTAGCTGCTAGCTGCTTGTGACACAC 1680
      -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 11 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

```

1691  ATGGTGTGCCCCGTCCCCCTTGGCTCTGCGCTGCCCTGCATGCATGTCCGATTCAGTCCCTAG  1740
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1741  TTAAATCGCAGATCTACCATCGACTACTCATATGCCCTAGTGTAGTAGTGTGTCCCTTTCC  1800
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1801  CCCAGTATAGAATTTCCTGTATTTTGTTAATCGCCATGGTAGGTGCTTGATGCTGAAC  1850
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1851  TAATCTTTTATTTACTTACCGATCGGACATAGGCGGCTGAATTTCAACGGCTTGTTTT  1920
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1921  CTTTGGTCACTTTTCATCATGTGATCTCAGACTGCACCTCTCAAGTGTCCATTTTCAGTCT  1980
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1991  AGTGGAAAATTAGCTAGCATTCGCTCCACAATCGTACTCATCAACTGTGTGCTTATTTAAAT  2040
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2041  TGTTTATGTGAAGACTACGATATCTTCTTTGTTCGTGCCCGTTGTTCTTTAAGAGAATTC  2100
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2101  GGTGGAGGGCGCAGGCCCTTTTATATTGATTACATAGACAGAGTAGTTGTTTGCAGTCAA  2160
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
2161  GTTAAATRAATTGATTCAATTATAACGGTAAATGTATCATCGTGTGTCCAGACGATTCCAAG  2220
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
                                     T I F R
2221  AACGGTGGAGCTTTCACAGGAAGACCCGCACAAACCTCATCCAAATGGCCAGTGGAGGAGGT  2280
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      T V B L D R R T R T N L I Q W P V E E V
2281  CGACACCCCTCCGCAGGAACCTCCACGGAACCTCGGTGGCATCACCGTCAACGCCGCGCTCCGT  2340
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      D T L R R N S T D L G R I T V N A G S V
2341  CATTCGCTCCCCCTCCACCAAGGGCGCTCAACTCGACATCGAGGCGCTCCTTCCAACCTCAA  2400
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      I R L P L H Q G A Q L D I E A S F Q L N
2401  CTCTTCGACAGTGGATGCTATCAACGAGGCCGACGTGGGCTACAACTCAGCACCAGTGG  2460
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      S S X V D A I N E A D V G Y N C S T S G
2461  TGCCGCGGTACGGGGGGCGCTGGGCCCTTTGGGCTCTCTGCTCTTGCCAAACGGCGGCAC  2520
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      A A V R G A L G P F G L L V L A N G R T
2521  CGACAGACGGCTGTGTACTTCTACGTGTCCAAGGGCGTGCAGGTTGCCCTCCAGACCCA  2580
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      E Q T A V Y F Y V S K G V D G A L Q T H

```

FIGURA 11 CONTINUACIÓN

```

2581  CTTTGGCCACGACGAGTCACGGTCAACGGGGCAAAGGATGTCGTAAATAGrATGATTGG
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      F C H D E S R S T R A K D V V N R M I G
2640

2641  CAGCATCGTGGCGGTGCTTGACGGT. AGACCTTTTCGGTGAGCGTGCTAGTGGACCACTC
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      S I V P V L D G X T F S V R V L V D H S
2700

2701  CATCGTGCAGAGCTTCGGCATGGGCGGAGGATCACGGCGACGTCCCGGGCGTACCCGAC
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      I V Q S P A M G G R I T A T S R A Y P T
2760

2761  GGAGGCCATCTACGGCGCCGGCGGGGTCTACCTCTTCAACAACGCCACGGGGCCACCGT
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      E A I Y A A A G V Y L F N N A T G A T V
2820

2821  CACCGCCAGAGGGCTCGTCTGTCACAAATATGGCCTCAGCTGACAACCAATCTTCACGAA
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      T A X R L V V H X M A S A D N H I F T N
2880

2881  CGACCACTTGTAGATGAAACCAAGTTTAGCTCGTGTTCGATCTTGTTAACGGCCCGTGA
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      D D L *
2940

2941  TTGCCTATCTACACATTCATTTGGCGTTCGATTCGCTGGGTTCCTTGATCTTGTTCATGGAT
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3000

3001  GGGGATCGTACAATAGTFTTTGATTGGTTTTTTTTTTTTTGTATCGGGTGATGTATGAAA
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3060

3061  TTAATGACTGTCTTACCCCAAGTCGTAACCTATCTGCAGGAGCCCTTCTGCAGTGACTA
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3120

3121  TGATGACAGTGTATCTATCAACTGTATCAGATTAATAATTCCAAAGGGGGTTTCCTT
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3180

3181  TTAATCGAGTCATCGGATCC
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
3200

```

FIGURA 11 CONTINUACIÓN

FIGURA 12

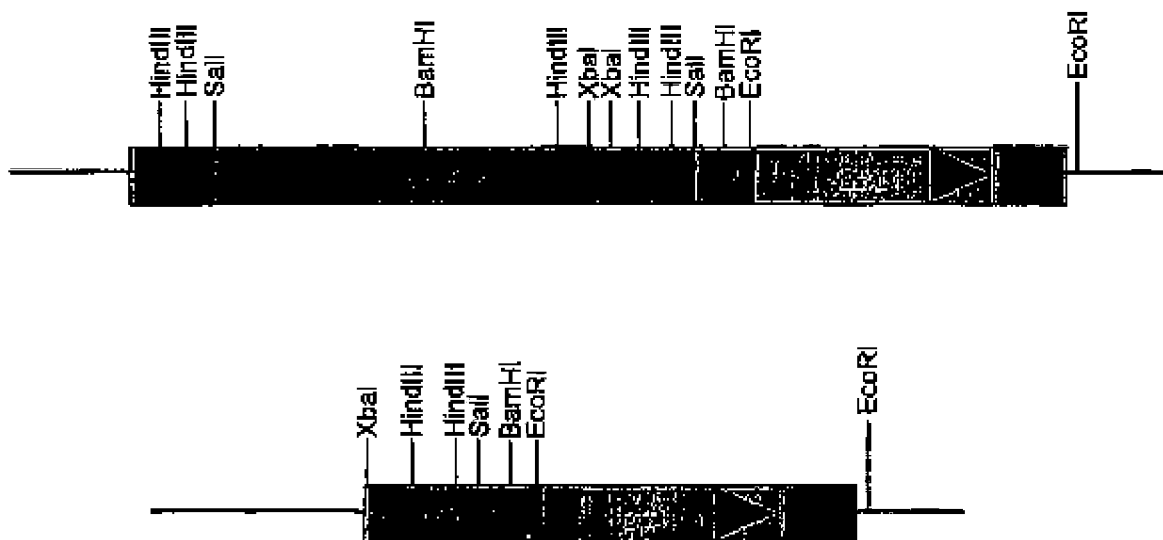
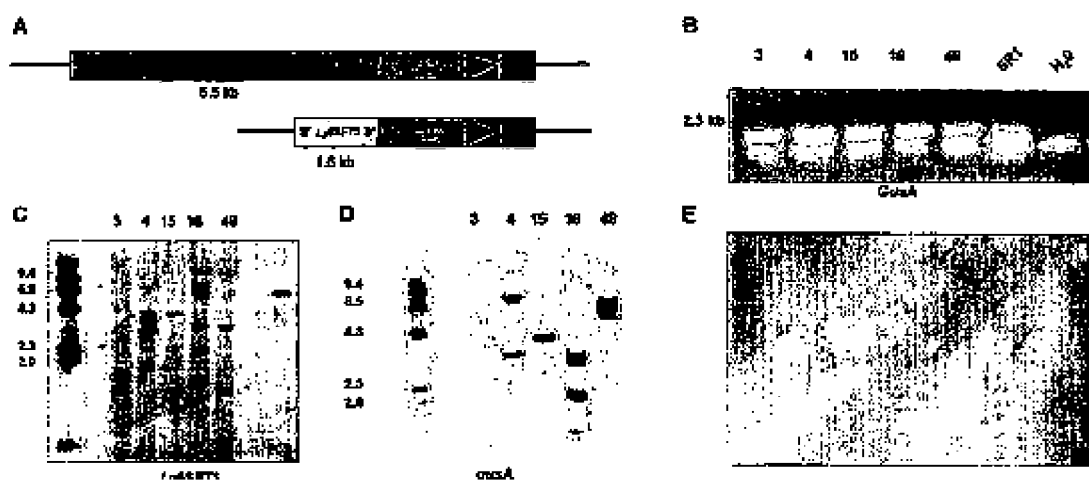


FIGURA 13



ES 2 338 864 T3

-966	GGATCCGGAAGCTGACCGGCCGGGTGGAAGGGAGAGAAGCGATCGATACTTTCAACCGCCTTG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-907
-906	CTAGGTTTTTCGCCTCCACCATTGCGAAACAAGCGATGTGCGAGGATCAAAATGTAAAATCGA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-847
-846	TGGGACGATGGAGAGGTGGAGGTGAAGCAAGGCCAGTGTCTGCCCCGTGCGTGCCAGGAG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-787
-786	TCTATCATGGATAGANTGAGAGGGCGCCCCGGGTGTGCGCTCTTGCTGTCTTAATTTAGC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-727
-726	CACCTGTTTCACCTTTTGTFTTTCTCATTTGCATGGTTGGAATTCATGATTAATTTCACTAT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-667
-666	CAGTTACAGTTTTTGGTTATCTAATAATTTTATGAACCCCATATCTATAGACGGCTTCAT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-607
-606	CAAGGTGTGGTGTGCGTTATCAAGGTTCATTACTTTTCCCCAAAAAAAAGGTTCCAT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-547
-546	TGCGTTGTATATTTCATGTTTTTGGACCGGGTCTAATTCGAATACTCGAATGACCATTAGT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-487
-486	CCATCGATTACCAGATTTCATGAAAGGAGTTAAATGAAGCAGTATACATACATGCATGTA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-427
-426	TTTTACTATATATACAGTTGTATTTTACTATATATACTATGTAATAGGGACTTTATGCCG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-367
-366	ACGTGTCTTCTTTGATGGTTAATTCACACCGCAATCAAATTTACTGAGATGGCAGCTTGT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-307
-306	AGTACCCGTACTGACATTACATGAATGCGATGGCCCGCCAGTCTCTACCTTCTTTGTTTT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-247
-246	TGACACTTGGCCCGCTCCCCACATTGTACGATGTGTTCTGTGTGGACAATCACAAATCCA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-187
-186	TGCATGTCTCTTtgggacatccgataccgatacaggtaaccagagaatgcattgtctagtct -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-127
-126	TTGACCGTTACACTkrcatccgatatgtttogtttgtggacgtaatatTTTCTGAATATC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+	-67

FIGURA 14

```

-56  TTTTTCAGTATATTTATTTATGAAATTTGGTTAAATAAAATTCGGGATTTACACCGAATTT  -7
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
-6  AATGCATGGTTGCTGACAGTCAAGCATGCATATATCCCGTCTTGATGGTTACACTGAGG  53
      M V A D S Q A C I Y F V L M V H T E A

54  CCGGTCCACAAACCAGCCAGGCATCGCCCAACTATAAATCAGGCTCGCTCTCAAGAG  113
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      G P T N Q P R H R P T I N H A R S S R V

114  TGAGATCGTCCATCCATCAACTTTCTCTATTTTTCGAACACGATGAAGTCACGCGCCA  173
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      R S S I H Q L S S I F S N T N K S R A T

174  CCCCCCTCGTCTGATCCAGTGGGTGTGCTGACCTCCACCGTACTAGCGGCGGCGGA  233
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      P F R L I Q C V S L H L H R T S G G A T

234  CGAGGTGGCGCGCTGCACAACCACCGTGTGGCGGTGGGCGTGTCTCGCCACGCGCTCG  293
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      R W R A C T T T V L A V G V L A H A L A

294  CAGGGGCGGCGAAATAATGGCGTGTGGCTCGGCGCCGGGAAGGGCGCGGATGGGTTC  353
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      G A G E I M A W W L G A G K G A D G P P

354  CGTGGACCGCGGATGCTGCGTGGCAGCGCACCGGGTTCCATTTCCAGCCCGAGAAGA  413
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      W T S A N L Q W Q R T G F H F Q P E K N

414  ATTTTATGAGCGGTAGTACAGGAGTAGTTGATTATTTATTTTCTCTGCAATCTGTACG  473
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
      F M S

474  TGCAGAAACTGACTGACTGACTGGCTTTCTTGTGTTTGTCTGTCGTCAGATCCACGCG  533
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
                                     D P S

534  TTAGTACGTACATCACTTTCTTTGTTTGTGAACTGGGAAGTTTATATTGATTAGTAA  593
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

594  CAACATCTTACAGAGTATTAATTAAGGGAGTGTCTGGGCGTCCCCGGCGGATTAGAAAT  653
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

654  CTAATCCACCGGTCCCAACCATCCGATCAACAGATCTGGAACGTTTTCGGCGGTGAGA  713
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

714	TCAAACCAACCAGCCCTCTCTTCCACTTTTACTACCATGATGAACCAAGTAGCAAAAAA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	773
774	CGGTTCAATTGTAGCAAAATCTATTTTCACCTAAAAACACAGACCTCGCCGGAGATGTGG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	833
834	CCGGAGACCTCGCCGGAGAACTTGTAGCAAAAAACATATACTATTATAGCTAAAACTAG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	893
894	AACAAATGTAGCAAAACCTGATTCCGCCGGATACTCCAGGAGACATAGTAGCAAGAAA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	953
954	ATATGGTATAGTAGCAAGAAACAAAAATATTGTAGCAAAATTTTTCCTATTGTAGCA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1013
1014	AACTATGCATTGATGAAAAATATAATTGTAGTAAGACAAATTTCCCCAAAAAGAATTGTA -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1073
1074	GCAACAATGTATACTATATTAACATAAATGCCAACTAAAGTAGCAAAACAATATATT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1133
1134	ATTGTAGCATCACGCCCGGAAGCAAAAACGCCCAGGAGCCGTTGCCAGCAGCCGCCCGTT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1193
1194	GACTTGCAGCTAGAGGGTAGGGGGGAGAGGAGGATGACsGCCATGGCTGGCGGTGCTTGC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1253
1254	AGTGGGAGGAATAGCGGAGGAAGTAGGAGGCGGCTGCCGCCGCCGTTAGGGGAGGCGGC -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1313
1314	ACCGGAGCTCGCTATGAGGGCTGACGACGGAGTCGGCGGAGGAGGTCAGGGGAGGGCGG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1373
1374	CGGCCGCCGTTCGCAGAGGGTGCTCGAGGCAGCTCCCGGACCTTGGCGTGGCGCGCGCG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1433
1434	GCGGCTGCTGCAGTGGGGTTGGCGGCAGTGGCGCGCACAGCAGAATCCCGTGTAGGTGG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1493
1494	TGCGGGACGCCCGCCCGTCCGCCCGGATGCAGGGTGGAGGCGCGGACGCCGCCGTAGT -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1553
1554	TCGGGATGCAGGGGAGGAGGCGGAGTGGCACGCTATGGAGGAAGTTGCGCGGCACGCCG -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----	1613

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

1614	GGTCAGCGCAGCCCGGCACGTGGCTTTCGCGCGCGGGCTGGCTCGACGCGTTGCTGGGTTG	1673
1674	GGGGTGGCTCGTGGCAGGGCGACgACGGCGGCGGACAGCCTACCTGTGCGGTTCCTCGA	1733
1734	TTTGGGGATGAGATTGAAACCAGAAAAAAGGGATGAAGGGGAAGACGATAACGTGGGTG	1793
1794	GGTCCACCGGACACGTGGCATACGGGGGAATCGGAGGAATGGAGCGCTGATCCCCCGGG	1853
1854	GGTTGGGAGCGTTTCCCATTAATTAAATGACTTGATGATGCAGGTCCGGTGTACTACCG	1913
	G P V Y Y R	
1914	TGGATGGTACCACCTATTCTACCAATACAACCCGAGGGCACCGTGGGGGCCAACATCAC	1973
	G W Y H L F Y Q Y N P E G T V G A N I T	
1974	GTGGGGCCACGCCGTGTCCCGGGATCTCGTCCACTGGCGCCACCTCCCTCTGGCCATGCT	2033
	W G H A V S R D L V H W R H L P L A M L	
2034	CCCTGACCGGTGGTACGACATCAACGGCGTTTGGACCGGCTCCGCCACCATGCTCCCCAA	2093
	P D R W Y D I N G V W T G S A T M L P N	
2094	CGGGACGCTCACAATGCTCTACACGGGGTCCACCAATGCCTCTACCCAGGTCCAGTGCCT	2153
	G T L T M L Y T G S T N A S T Q V Q C L	
2154	CGCCGTCCCCGCAAAOCCCAACGACTCCCTCCTCGCAACTGGACAAAGCACCCGTGCCAA	2213
	A V P A N P N D S L L R N W T K H P A N	
2214	CCCCGTCTCTCTCCCGCCCCCGGCATCGCGATAAGGACTTCCGTGACCCACACCGGC	2273
	P V L L P P P G I G D K D P R D P T T A	
2274	CTGGTTCCACAACTCAGACTCCACCTGGCACATGCCATCGGGTCCAAGGATGACCACGG	2333
	W F H K S D S T W H I A I G S K D D H G	
2334	CCACTCCGGCATCGCCATCAGTACAAGACCAAGACTTTGTTAGCTACGAGCTCATCCC	2393
	H S G I A I T Y K T K D F V S Y E L I P	

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

2394	CGGATTCCTTGCATCGTGTCCGAGAGCACTGGCATGTGGGAGTGGCTTGACTTCTACCCCGT	2453
	G F L H R V E S T G M W E C V D F Y P V	
2454	CGGCAGCCGCGACCAAGACGCCGAGAAGCTCGTCGGAGGAGCTGTTGTACGTGATGAAGGC	2513
	Q S R D Q D A E N S S E E L L Y V M K A	
2514	GAGCATGGACGACCAACCGGCACGACTGCTACCCATTGGGGAGGTACGACGCTGAGGCAAA	2573
	S M D D H R H D C Y A L G R Y D A E A N	
2574	CATATGGACGCCGGTGGACCCGTAGGCCGACGTGGGGATCGGGCTGAGGTACGACTGGGG	2633
	I W T P V D P E A D V G I G L R Y D W G	
2634	AAGGTTTTTTTGCCTCCAAAACGTTCTATGATCCGGCGGAAGCGGCGGCGCTGCTGTGGG	2693
	R F F A S K T F Y D P A K R R R V L L G	
2694	GTTATGTCGCCGAGGCCGACTCCGAGTTGGCCGACGTGGCCAAGGGATGGGCTTGCCCTCCA	2753
	Y V A E A D S E L A D V A K G W A C L	
2754	GGTATCTCTATACTATACATCGCTATGATTGTGTTTTACCTTGCATTTTGCATCAATAGC	2813
2814	TCCATCCTTCATTTTGGTTACTCATGTTAGATTGATACATCAGTGCATCGCCTCTTGGGGA	2873
2874	TTGAAATGCTATCTGTGTTATATCAGTGCATGCATGCATCATAAATCCATCTTCTCTT	2933
2934	TTGTGCAATACAACCTGCTTAAATGTTGATTAAATGCATGGCTGATGGCTTTCTGGGAAA	2993
2994	ACTTGTTAATCACATGTTTAATAATTTCTAATGCGAGAAGAGAGGAACCTTGTGGCTGCTA	3053
3054	ATTAGTCGTGGATGGTGTCCGAGTCATGGAAGAGTACTAGTTGCACTCGCTCCGTATGGT	3113
3114	CCGCTGGTATTTTTTTTTTTTAAATTTGACCATCAATTTGATCAACAAAATATGAGTTAT	3173

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

[illegible]

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

4074	AAACAAATCTTGACATCAATTGCAATTGAGATTCTAAATAGCAATAAATATAGCATAAC	4133
4134	TATGATACTACTTCATGATACTACCCACTATAGGGATAATATCATACACAAGTATCATAT	4193
4194	GCATGATACTACTATATGATACTTAGCACTATGGCCAGCCTTATGGAAATTGGTGGAGGA	4253
4254	CGCCAGCAOCTTTATTAATTGAATAACAATAATTTTTATCATGTTTTTTTCAAGTTCA	4313
4314	TTATGTCAATGTGCATTCATAATCGATGGACTTACCTCGCTTGAATTATGAACTAACTA	4373
4374	ATTAATGGTCTATGACATGTGTGCAGTCGATTCGAGGACGGTGGCGTTGGATGAGAAGA	4433
	S I P R T V A L D E K T	
4434	CCCCGATGAATCTCCTCCAATGGCCGGTgaAGGAATCGAGACCCCTCCGCCCTCAATACCA	4493
	R M N L L Q W P V R G I E T L R L N T I	
4494	TCGACCTTGGCAACATCACCATCGGCACCGGCTCCCATCTTCCCCCTCCCCCTCCGGCAAG	4553
	D L G N I T I G T G S I F P L P L R Q A	
4554	CCACTCAGCTCGACATGGAGGCCCTCCTTCGGCCTAGACGCTCCGGCCATAGCTGCCTTCA	4613
	T Q L D M E A S F R L D A S A I A A F N	
4614	ATGAGGTCGACGTTAGCTACAACCTGCAGCACCAGTGGCGGTGCCGCTAGCCGTTGGCAAGC	4673
	E V D V S Y N C S T S G G A A S R G T L	
4674	TCGGCCCCCTTCGGCCTCCTAGTCTCTCACCACCGCCGACAGTCGCAGCGAAACAATGGCAG	4733
	Q P F G L L V L T T A D S R S E Q M A V	
4734	TGTACTTCTACGTGTCCAAGAGCATCGACGGCAAGCTCCAGACCAGCTTCTGCCAAGACG	4793
	Y F Y V S K S I D G T L Q T S F C H D E	
4794	AGTCCCGCTCGTCTCGGGCCTGGGACGTGGTGAAGCGGTTGGTGGGCAGCACCGTGGCGG	4853
	S R S S R A W D V V K R V V G S T V P V	

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

[illegible]

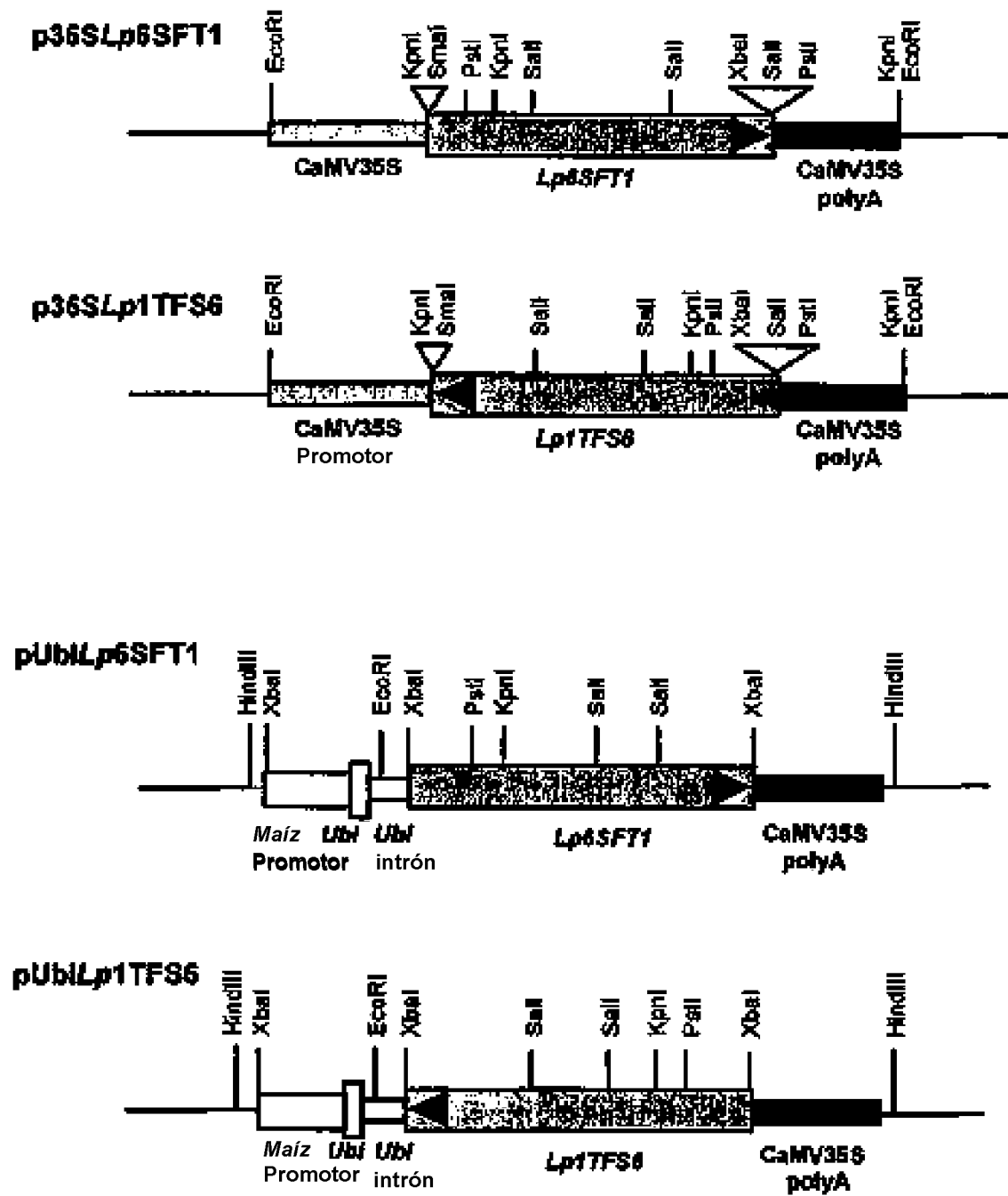
FIGURA 14 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

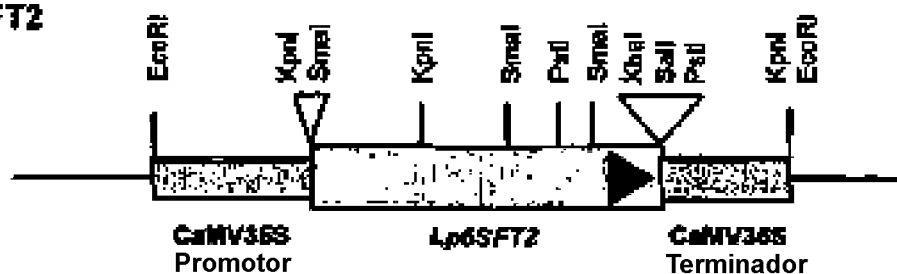
5694 TGGGTTTGTGATATGTCGTAGATACAAAGGGAATGTCTGAAGCATGCATGGATGGGTT 5753
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 5754 CCCTGCTCATGTACTCBAAGTTGATGGATCTGAAGCCGGG, ATAGGTTTGGCTTCGTCTC 5813
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 5814 TGAATTTCTCTTCATGGATTTTCTCCAATGATTTTAAATGATTTGTTTATCATGGACTT 5873
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 5874 GTAGGTTAGTTCATGGAAATATATTTTTTGCATGGTTTGCTAGATTTATCAATTTTCATC 5933
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 5934 TGCTGATAGTCCATATGAACAATGGGTTGGTACAGATCGAAATTCAAATTCATGGTGT 5993
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 5994 TTGTAAAAAATATCTTTCTCTCCAGTTTCTCTATGATGTTAATAATGCATGTATGCT 6053
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6054 CATGGAACCGGTGGACTGATGCCAGGTATGCAGATTCCTTGCAAACAGAATTGGCTTCATC 6113
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6114 ATTGCTTAGAATTTGAGGAAGCATGGTTCCGAGTTGATGTCATTTCTTAGAATCTGATCT 6173
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6174 AATGCATACAAGAAAAGGTCTACTAAATTTTTTGACGTTTCAACAAGGTAGAATCCAACG 6233
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6234 GTTGCACGCCAGTTGGTTGTGGTTTTGCAATTTTGCTAOCCTCTAGGCCGATCGCTGCTT 6293
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6294 GTCTCTTCATTTTTGTTCCTCGGGGGGTTTGGCGGGGGCTTTTTGCGGTGCGCGGCTGG 6353
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6354 GTGCGGTAGATTTGTTGGCGAGCGTAGATGTTTACTGAGTTTTTTCTTCTTTGAATTG 6413
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6414 TGAGCTACAACTGTTTGTGAGGTGCATAGTTATCATGTATCAGTTTTGTGTTTGGTGCA 6473
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6474 GTTCGGGTAGAGAACAGATGCCAGGTGCTCTATAGCTTCTTCATTTTGAGACATTATGG 6533
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----
 6534 CTTTGGGGTCCACCCCGGTAACAAAAAGCGATGCATAAAAACTTGGGATCC 6585
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----

FIGURA 14 CONTINUACIÓN

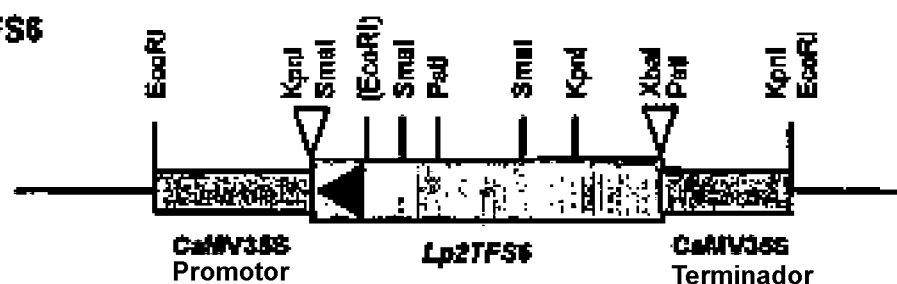
FIGURA 15



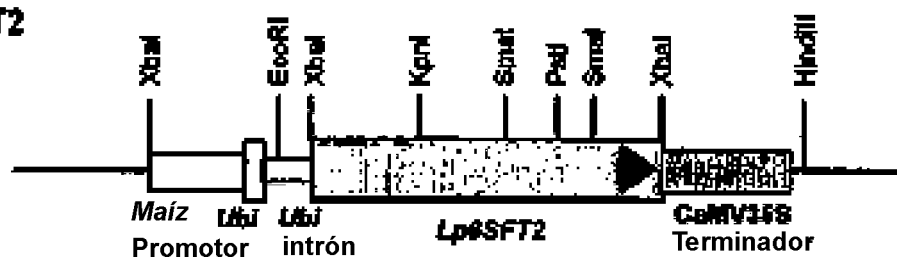
p35SLp6SFT2



p35SLp2TFS6



pUbiLp6SFT2



pUbiLp2TFS6

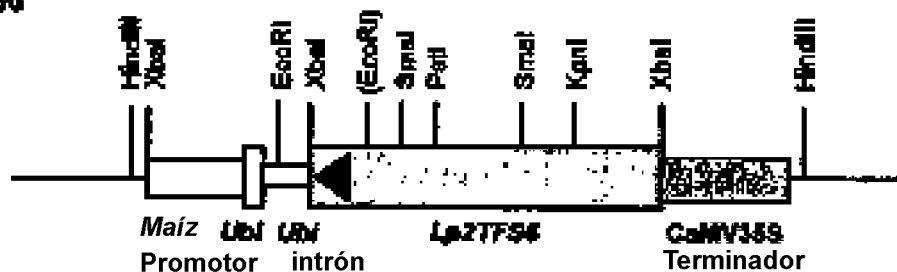


FIGURA 15 CONTINUACIÓN

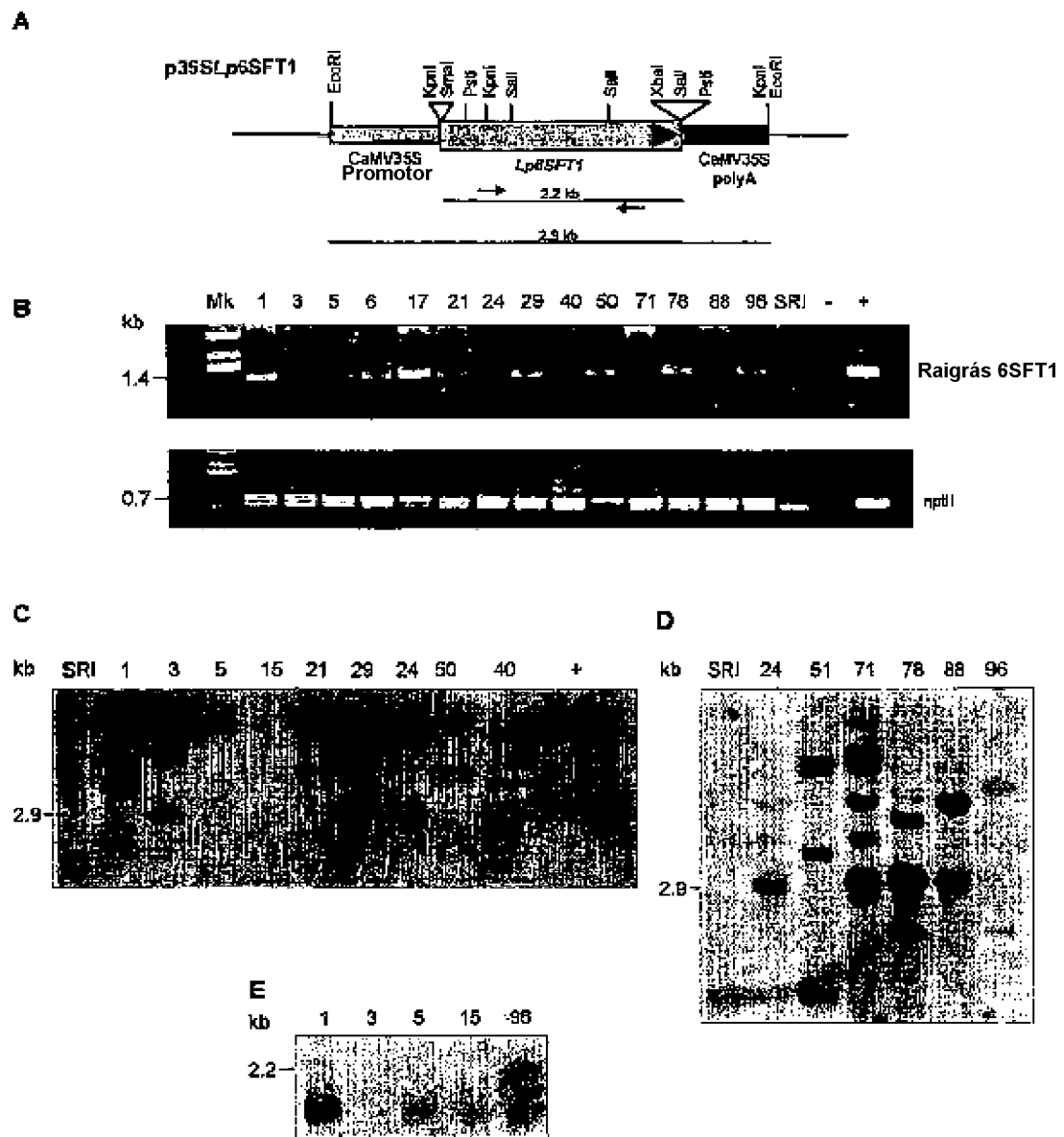


FIGURA 16

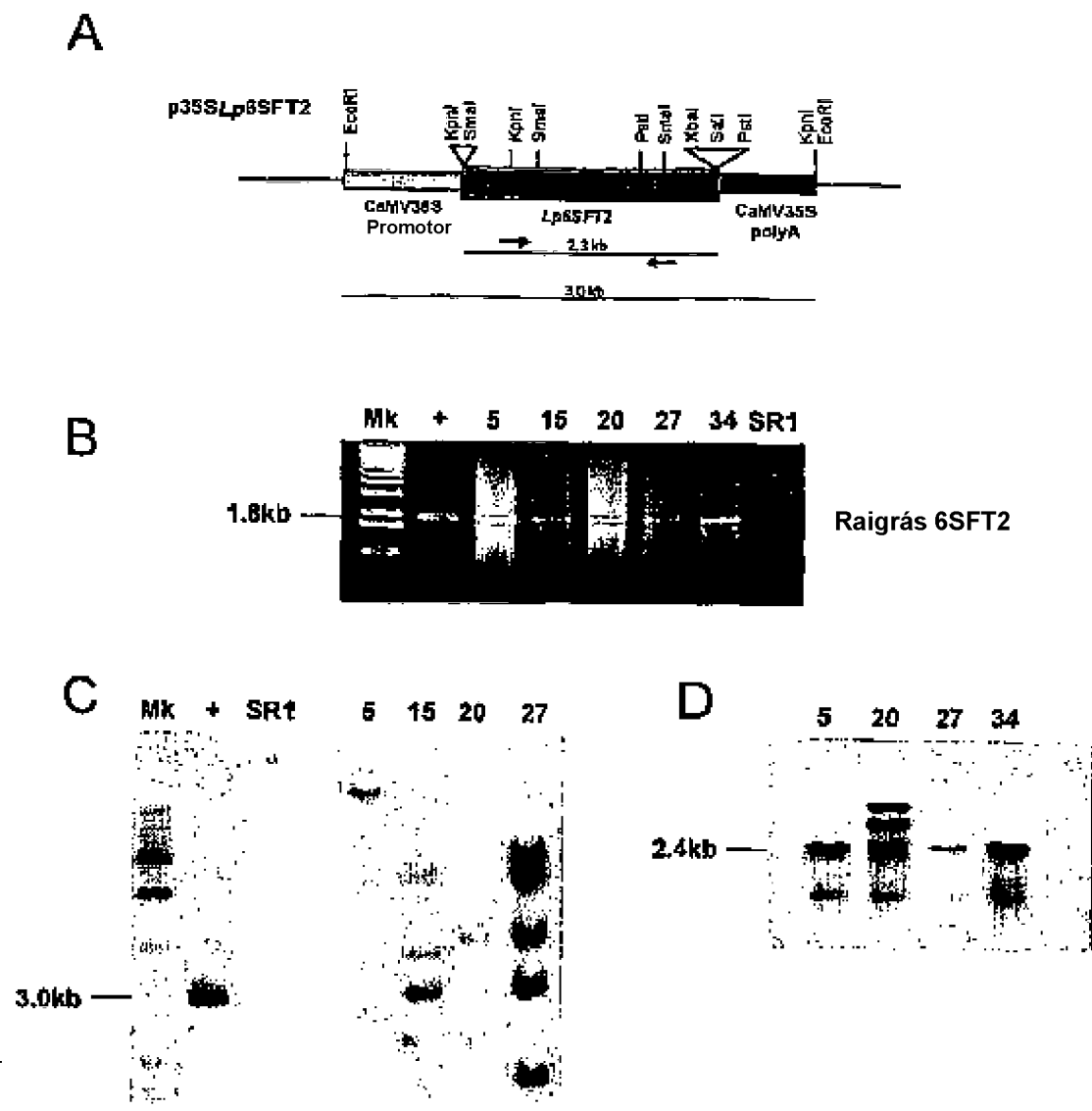
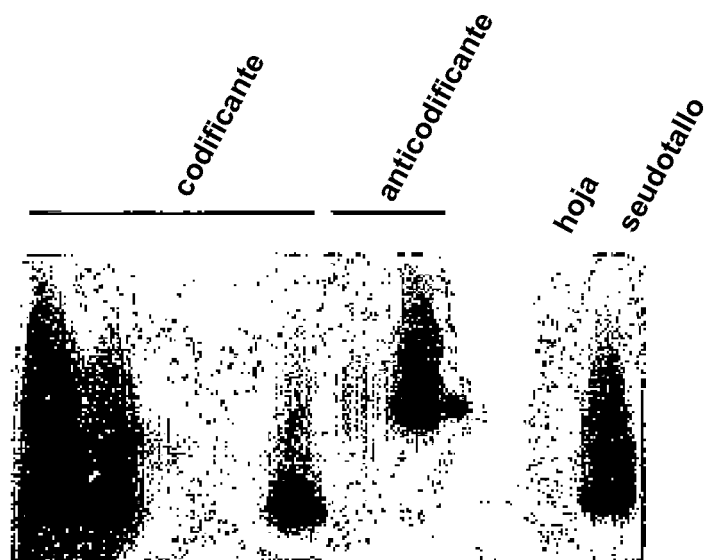


FIGURA 17

FIGURA 18

A



B

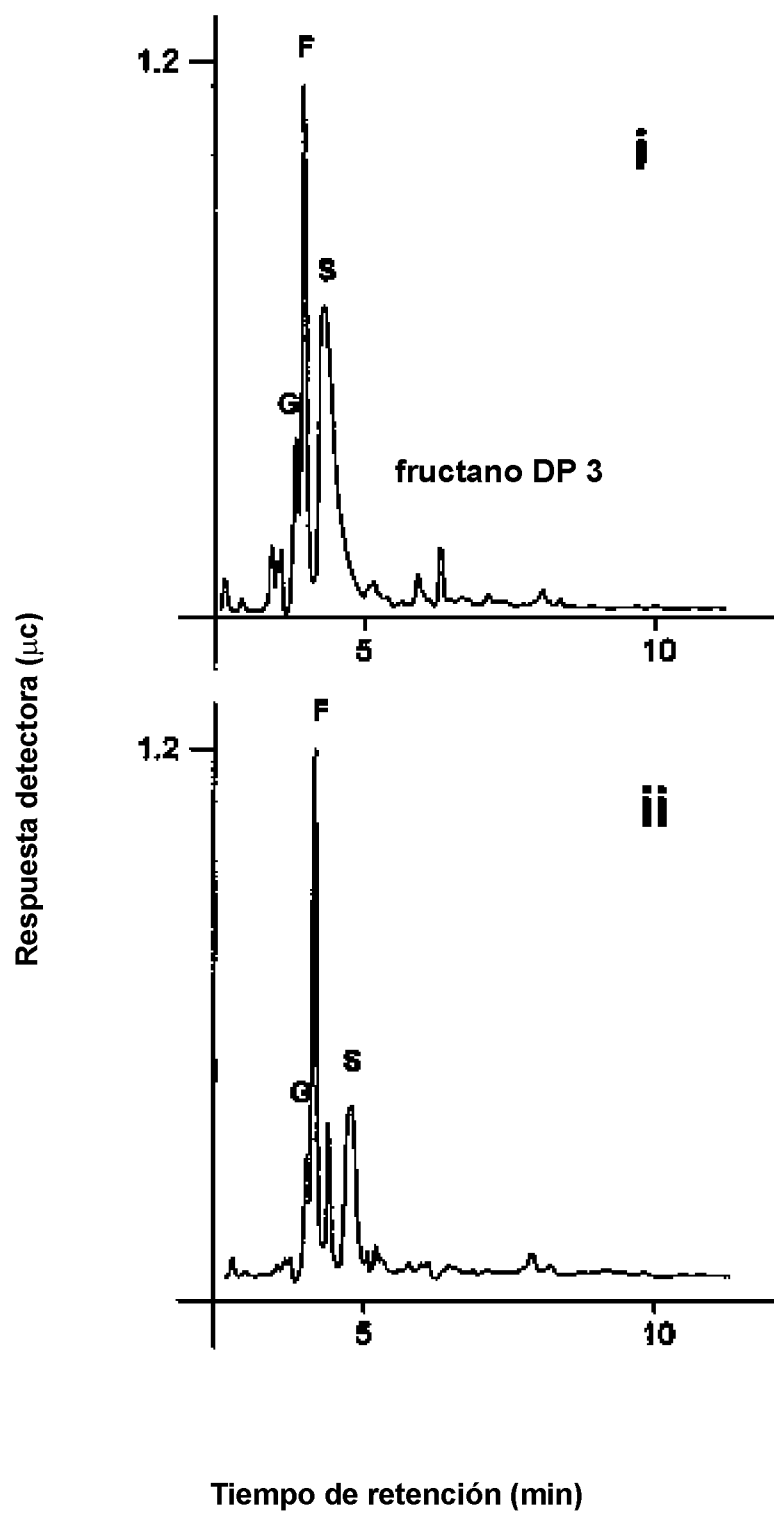


FIGURA 18 CONTINUACIÓN

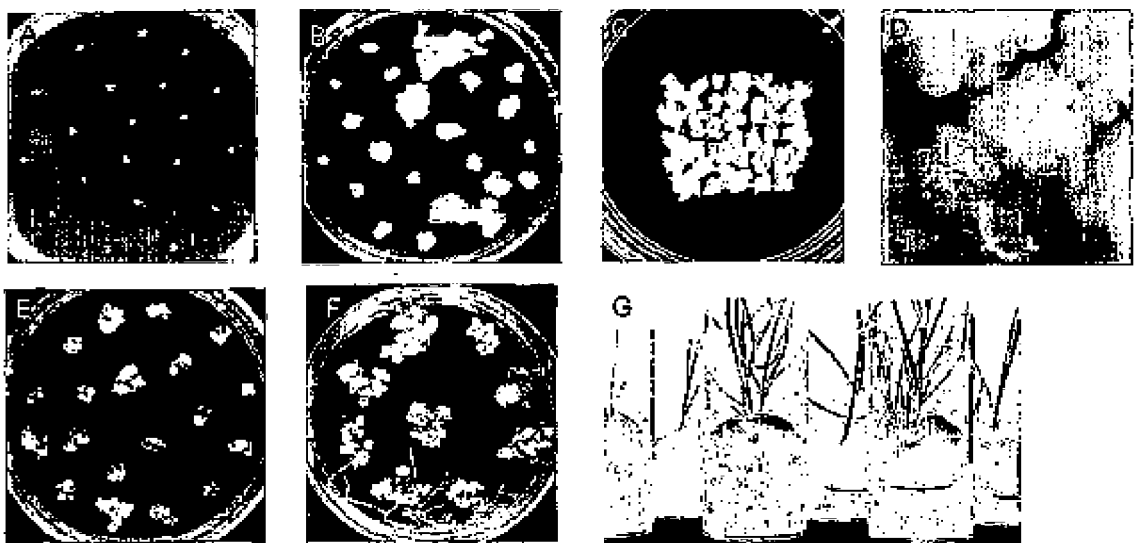


FIGURA 19

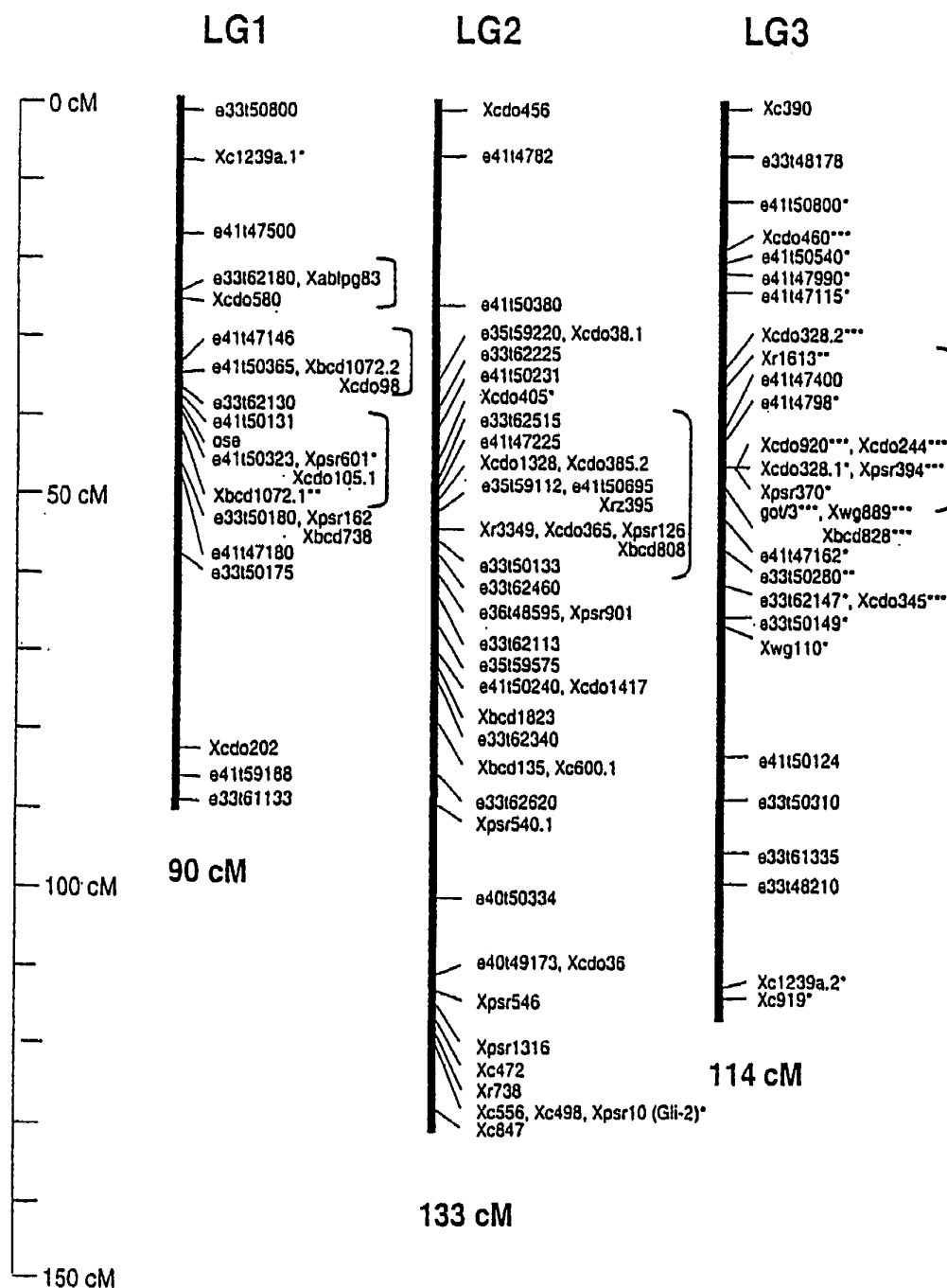


FIGURA 20

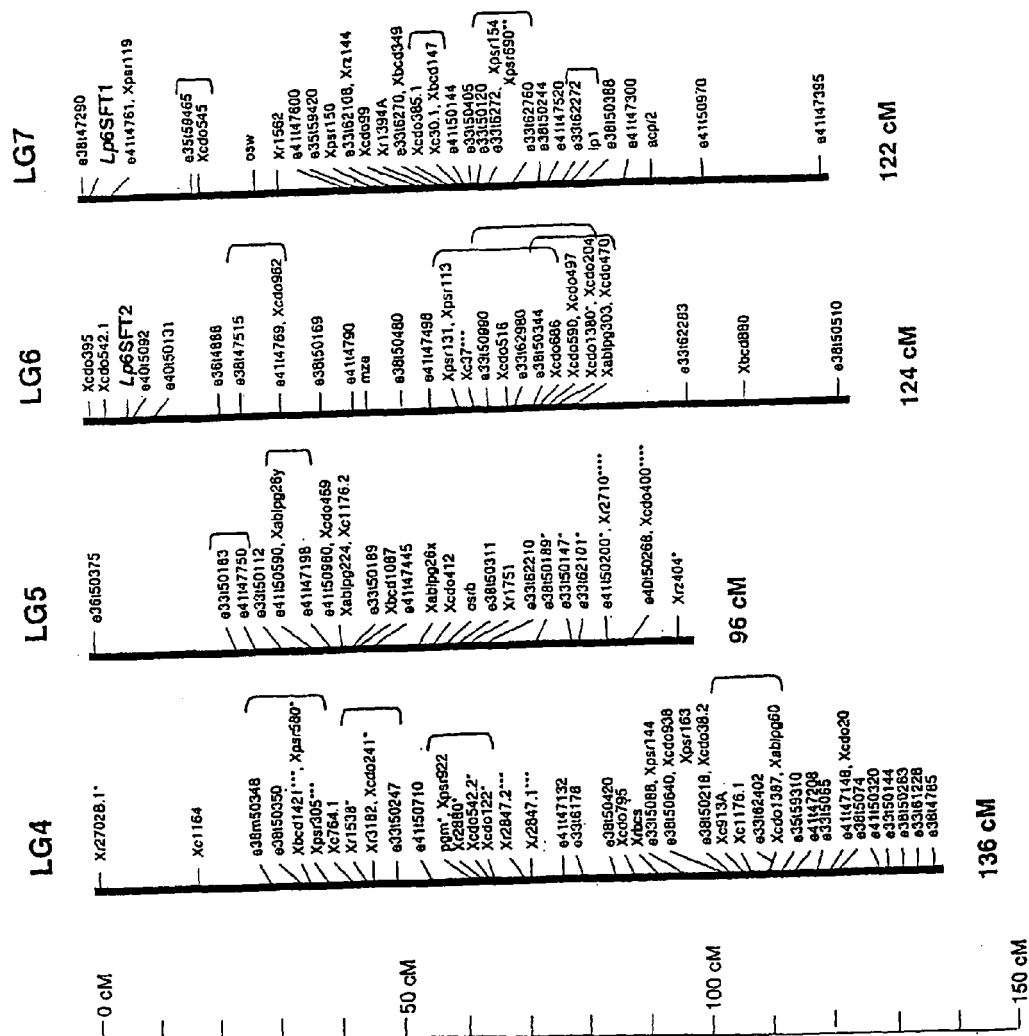


FIGURA 20 CONTINUACIÓN

ES 2 338 864 T3

LISTA DE SECUENCIAS

<110> Molecular Plant Breeding Nominees Ltd

5 <120> Homólogos de fructosil transferasa de césped inglés (Lolium) y especies (Festuca)

<130> 80424437

10 <140> PCT/AU01/00705

<141> 200-06-14

<150> PQ8155

15 <151> 2000-06-14

<160> 14

20 <170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 2386

25 <212> ADN

<213> *Lolium perenne*

<400> 1

30
 35
 40
 45
 50
 55
 60
 65

```

ggcaccgagat ctgctccatt tgttttggaa ttggccgagc atcgatggag tctcgggtcca 60
ttcccgggcgc gtaagggtac gagccggtgc cccactccct cgaagacgcc catgggccacg 120
acgaccggcgc gaggccgggc ggcgtgaggt ggccggcgtg cgcggccgtt cttggcggcgt 180
ctgccttggg tgtgttcgtg gtccggagca cgtcggccgg gtcaagggtg gaccggcgtgg 240
cggtagagcgt ggtgccaatg ccggcgctgt cgggagacgg gaggagccgt gggaaaggacg 300
cggggcgtgtc ggagaagacg tccggcgccg cggacggagt ggggttccct ggcgcggcgt 360
cgggcggcga cgcggacggg ttcccggtga gcaacgccat gctgcagtgg cagcgccacgg 420
gtttccattt ccagcccgag atgaactgga tgaacgatcc caacggtecg gtgtattacc 480
gaggatggta ccacctcttc taccagtaca acccggaggg ggcggtgttg ggcaacatcg 540
cgtggggcca cgcctgttcc cgggaccttg tccactggcg ccacctcccc ctgcgcatgg 600
tgcttgacca atgttacgac atcaacggtg tctggacggg ctccggccact gtgttccccg 660
atggggacct caacatgctc tacacggggg ccaccaacgc ctccgtgcag gttcagtgcc 720
ttgctgtgcc cgaaggcccc aacgactccc tccctcgcaa ctggacaaag caggaagcta 780
acctcggtct cctaccggcc ccggggatcg gcgacaagga ctcccgtagc ccgcccaccg 840
cctggttcga cgaatccgac cagacgtggc gcaccgtcat cgggtccaag gaccaacaacg 900
gccacggcgg tattgccatg gtgtacaaga ccaaggactt cctcaactac gactcatcc 960
cgggatactt gcatcggctc gaaggcaccg gcatgtggga gtgatcgac ttctaccccc 1020
tcggaggcaa aaacggcagc gaggagtgtt acgtgatcaa ggagagcagc gacgacgacc 1080
gacatgactg gtacacgcta gggaaatacg acgacggcag caaacagttc acggccggcg 1140
accggagaa cgaactaggg attcgggttg ggcattgact gggcaagttc taaggaccca 1200
agactttcta cgaaccggcc aagaatcggc gcgtgctctg gggatggatc ggagagaccg 1260
actctgagcg cgcgatgttc gccaaaggat gggcatccct catgtcgatt ccgaggacgg 1320
tggaaactga cgaagaagac cggaccaaac tcattccaat gccggtggag gagctcgag 1380
ccctccgcat caagtccacc gacctcggtg gcgtcaccat cgaaccaagg agcgtctacc 1440
cactccctct ccaccggcgc acacaactcg acattgaggg ctccctccgc atcgacactg 1500
ccaccgttcg tgcctcactt gaggctgacg ttggctacaa ttgcagcacc agcgggtggc 1560
ctgccaaccg tggcgacttc ggcctctcgt cctcgccgac ggtaaaggcag 1620
aggcagcggc agtgtacttc tatgtggcca agggcctcga cgggaccttc caaacccact 1680
tctgcaaggc cgaatcaggg tcgacgcttg ctagggatgt tgtgaaggcg gtggtgggat 1740
acaacgtgct tptctcgac gctgagccct tctccgtcag ggtgctcgtg gacctcma 1800
tcgtggagag cttcgccatg ggcggcaggt ccacggcaac atcgagggtg taccacaagg 1860
aggccatcta tggcgctgcc ggtgcgtatc ttttcaaaa cgcacacggc ggcctccgtc 1920
ccgttgagaa gctcgtgggt catgagatgg actcgtctca caaccagatc ttcatggctg 1980
acgacttgta gtcactgctc tccatggata gcgcgcggcg atggtgagga tgatcaccta 2040
ctacatatac atacatacta ttgatcgagc gatcaccaca tcggtcgggt ggcgcttccc 2100
cttctcttgg atcgagaagg agatggagta ctagctactc tatttaccat gtcgttttgt 2160

tgggtttttt ggggttttgg tttttgacga gatggatgaa ttagctatag atggacgatt 2220
gtgtctctat tatctctgct cttccgagtg taactatata tatattggca ggtatcgatga 2280
tatccctact gcatgacagt catgattaat tattgtgatg atattgatca atcaacctgt 2340
aaatgaattt attgggggaa aggttttatga aaaaaaaaaa aaaaaa 2386
  
```

ES 2 338 864 T3

<210> 2

<211> 648

<212> PRT

5 <213> *Lolium perenne*

<400> 2

10	Met	Glu	Ser	Arg	Ser	Ile	Pro	Gly	Ala	Tyr	Ala	Tyr	Glu	Pro	Leu	Pro
	1				5					10					15	
	His	Ser	Ser	Asp	Asp	Ala	His	Gly	His	Asp	Asp	Arg	Arg	Ser	Ala	Gly
15				20				25						30		
	Gly	Val	Arg	Trp	Arg	Ala	Cys	Ala	Ala	Val	Leu	Ala	Ala	Ser	Ala	Leu
			35					40					45			
	Val	Val	Phe	Val	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Gly	Ser	Arg	Val	Asp	Arg
20		50					55					60				
	Val	Ala	Val	Asp	Val	Ala	Ala	Met	Pro	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ala	Arg
	65					70					75					80
	Ser	Arg	Gly	Lys	Asp	Ala	Gly	Val	Ser	Glu	Lys	Thr	Ser	Gly	Ala	Ala
25					85					90					95	
	Asp	Glu	Met	Gly	Phe	Leu	Gly	Ala	Gly	Ser	Gly	Ala	Asp	Ala	Asp	Gly
				100					105					110		
30	Phe	Pro	Trp	Ser	Asn	Ala	Met	Leu	Gln	Trp	Gln	Arg	Thr	Gly	Phe	His
			115					120					125			
	Phe	Gln	Pro	Glu	Met	Asn	Trp	Met	Asn	Asp	Pro	Asn	Gly	Pro	Val	Tyr
35		130					135					140				
	Tyr	Arg	Gly	Trp	Tyr	His	Leu	Phe	Tyr	Gln	Tyr	Asn	Pro	Glu	Gly	Ala
	145					150					155					160
	Val	Trp	Gly	Asn	Ile	Ala	Trp	Gly	His	Ala	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	Val
40					165					170					175	
	His	Trp	Arg	His	Leu	Pro	Leu	Ala	Met	Val	Pro	Asp	Gln	Trp	Tyr	Asp
				180					185					190		
45	Ile	Asn	Gly	Val	Trp	Thr	Gly	Ser	Ala	Thr	Val	Phe	Pro	Asp	Gly	Thr
			195					200					205			
	Leu	Asn	Met	Leu	Tyr	Thr	Gly	Ser	Thr	Asn	Ala	Ser	Val	Gln	Val	Gln
		210					215					220				
50	Cys	Leu	Ala	Val	Pro	Glu	Asp	Pro	Asn	Asp	Ser	Leu	Leu	Arg	Asn	Trp
	225					230					235					240
	Thr	Lys	His	Glu	Ala	Asn	Pro	Val	Leu	Leu	Pro	Pro	Pro	Gly	Ile	Gly
55					245					250					255	
	Asp	Lys	Asp	Phe	Arg	Asp	Pro	Thr	Thr	Ala	Trp	Phe	Asp	Glu	Ser	Asp

ES 2 338 864 T3

	260	265	270
	Gln Thr Trp Arg Thr Val Ile Gly Ser Lys Asp Asn Asn Gly His Ala 275 280 285		
5	Gly Ile Ala Met Val Tyr Lys Thr Lys Asp Phe Leu Asn Tyr Glu Leu 290 295 300		
	Ile Pro Gly Tyr Leu His Arg Val Asp Gly Thr Gly Met Trp Glu Cys 305 310 315 320		
10	Ile Asp Phe Tyr Pro Val Gly Gly Lys Asn Gly Ser Glu Glu Leu Tyr 325 330 335		
	Val Ile Lys Glu Ser Ser Asp Asp Asp Arg His Asp Trp Tyr Thr Leu 340 345 350		
15	Gly Lys Tyr Asp Ala Ala Ala Asn Thr Phe Thr Ala Ala Asp Pro Glu 355 360 365		
	Asn Asp Leu Gly Ile Gly Leu Arg Tyr Asp Trp Gly Lys Phe Tyr Ala 370 375 380		
20	Thr Lys Thr Phe Tyr Asp Pro Ala Lys Asn Arg Arg Val Leu Trp Gly 385 390 395 400		
	Trp Ile Gly Glu Thr Asp Ser Glu Arg Ala Asp Val Ala Lys Gly Trp 405 410 415		
25	Ala Ser Leu Met Ser Ile Pro Arg Thr Val Glu Leu Asp Glu Lys Thr 420 425 430		
	Arg Thr Asn Leu Ile Gln Trp Pro Val Glu Glu Leu Glu Thr Leu Arg 435 440 445		
30	Ile Lys Ser Thr Asp Leu Gly Gly Val Thr Ile Asp His Gly Ser Val 450 455 460		
	Tyr Pro Leu Pro Leu His Arg Ala Thr Gln Leu Asp Ile Glu Ala Ser 465 470 475 480		
35	Phe Arg Ile Asp Thr Ala Thr Val Ala Ala Leu Asn Glu Ala Asp Val 485 490 495		
40	Gly Tyr Asn Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ala Asn Arg Gly Ala Leu 500 505 510		
	Gly Pro Phe Gly Leu Leu Val Leu Ala Asp Gly Lys Ala Glu Gln Thr 515 520 525		
45	Ala Val Tyr Phe Tyr Val Ala Lys Gly Leu Asp Gly Thr Leu Gln Thr 530 535 540		
	His Phe Cys His Asp Glu Ser Arg Ser Thr Leu Ala Arg Asp Val Val 545 550 555 560		
50	Lys Arg Val Val Gly Tyr Thr Val Pro Val Leu Asp Gly Glu Ala Phe 565 570 575		
	Ser Val Arg Val Leu Val Asp His Ser Ile Val Glu Ser Phe Ala Met 580 585 590		
55	Gly Gly Arg Ser Thr Ala Thr Ser Arg Val Tyr Pro Thr Glu Ala Ile 595 600 605		
60	Tyr Gly Ala Ala Gly Ala Tyr Leu Phe Asn Asn Ala Thr Gly Gly Ser 610 615 620		
	Val Thr Val Glu Lys Leu Val Val His Glu Met Asp Ser Ser Tyr Asn 625 630 635 640		
65	Gln Ile Phe Met Ala Asp Asp Leu 645		

ES 2 338 864 T3

<210> 3
 <211> 2340
 <212> ADN
 5 <213> *Lolium perenne*
 <400> 3

```

10      ggcacgagct tgtataatcc ctccctcgca ctatgcggcc gaggcattct tccatgttgc      60
      ttcctatcgca tcgatctcga tccacagatt ctatgccaat ggaggcaaga gatggcgctct      120
      ccatgcccta ctcttatgag gccctgccgg aggcagccga ggcagcgggt gtggggcgcg      180
      gtcgcccggac cgggctctct ttcgacgctg tgcctgttga gttggtcggc gcgctccttg      240
      cegtcgccgc gctggctggc gtcaggctcg ttggcgagct gctgcccggg ggcgctckta      300
15      tgcccaacca cccgatggaa gtcattggac tcagcggtag cagaggccct gattcaggcg      360
      tqtccggaga gacgtccggg gccgcccagc agagcggcgg catgctgggc gccgacggcg      420
      gcagcaacgc gttcccgtgg agcaatgcga tgcctcagtg gcagcgcaac ggcttccact      480
      tccagcccga gaagaactgg atgaacgacc ccaacgggtc ggtctactac aagggggtgt      540
      accacctctt ctaccagtac aacccggagg gcgaatctg gggaacaag atcgctggg      600
      gccatgccgt gtcccgggac atgctccggg ggcgcccact gcccatcgcc atgttccccg      660
20      accagtggta cgacatcaac ggcgcatggg caggctccgc caccgtgctc cccgacggcc      720
      gcctcgtcat gctctacacg ggctccacca acgctccgtg gcaggtccag tgcctcgctt      780
      tccctccga cccctccgac cegctgctca ccaactggac caagtatgag ggcaaccggg      840
      tgcgtaccc gccctccgac gtcggggaga aggactccg ggaccggacc actgcatggt      900
      acgatggctc ccatggaatg tqcggatcg tcatcgggtc caaggataac cgcgcgccc      960
25      gcattggcct gacctacaag acaagaaact tccatgattt tgagctcgtt cccggagtgc      1020
      tgacccgggt gccggcgacg gggatgtggg agtgcatcga ttgtacctg gttggcgcg      1080
      cgaggggcat tgacatgacg gaggccgttg cggcgccatc caacagcggg ggtggtgaag      1140
      ttttgcattg catgaaggag agctcagacg acgaccgaca tgactactac gcgctaggga      1200
      ggtacgatgc agcgacaaac aagtggaac cgtatagatgc cgcgcccgat gtcggcatcg      1260
      ggctgaggtg ccatgggga aagttctacg catccaagac ctctctatgac cggcccaaga      1320
30      agaggcgtgt gctatggggg tgggtcggcg agactgactc tgagcgcgcc gacgtggcca      1380
      agggatgggc tccctacag tcgatccctc gcacggtrgt gctagatacc aagacgggca      1440
      gcawccttat ccagtggccg gtggtcgaag tcggagacgt ccttaccac tccaccaatc      1500
      tcggggagcat cctgctcgag catggctccg tcttccctct cagtctccac cgggccacac      1560
      agctcgacat cgaggcttcc tccgcctcg acccgctcga tgcgcgcgcc gcaaggagag      1620
      ccgacggttg ctacaactgc agcaaccagc gtggcgccgc cggctcgtgga gcgctcggtc      1680
      cctttggcct gctcgtactc gccgatgcca ggcgcatag cgggggacac gaggagaccg      1740
35      ccgtctactt ctacgtcggc aggggcctcg atggcaacct gcgcacgcac tctcgccatg      1800
      acgagtcacg gtcacccgt gccaacgaca ttgtcaagag ggtcgttggc aacatcgtgc      1860
      cagtgcctga cggagaggcg ctgctctgta gggttctggt ggaccamtcc attgtcgaga      1920
      gyttcgcaca ggggtgggag tcggtggtga mtcaacgga gtttaaccgg actgaggcca      1980
      tmtacgccaa tgccgggga tacctcttca acaacgccac cggtgcccgg gtcaccgcc      2040
40      ccagtctygt cgtccatgag atggacccct cctacaacca gaaccaggcc gagatggtt      2100
      catctgtaaa cgaagatgta catattgttt tttgtgatag catgttgcac gtacaacatg      2160
      tqtgctgaac atcgaggag cctggatcga gccaaaggga atgtgcattc ccgtaggcac      2220
      cacccaaaac aaaaaaaaa tacgtgagcg aggcgaaacg caggccggaa tagactgcca      2280
      caattagacc gggaaaagtg cccagagtggt tttgatgaat tcaaaaaaaa aaaaaaa      2340
    
```

<210> 4
 <211> 671
 <212> PRT
 50 <213> *Lolium perenne*

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 55 <222> (69)..(69)
 <223> Cualquier amino ácido

<220>
 60 <221> MISC_FEATURE
 <222> (451)..(451)
 <223> Cualquier amino ácido

65 <220>
 <221> MISC_FEATURE

ES 2 338 864 T3

<222> (605)..(605)

<223> Cualquier amino ácido

5 <220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (620)..(620)

<223>

10

<400> 4

15 Met Pro Met Glu Ala Arg Asp Gly Val Ser Met Pro Tyr Ser Tyr Ala
1 5 10 15

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

Thr Gly Pro Leu Phe Ala Ala Leu Leu Leu Thr Leu Val Ala Ala Leu
35 40 45

Leu Ala Val Ala Ala Leu Ala Gly Val Arg Leu Val Gly Glu Leu Pro
50 55 60

Ala Gly Gly Val Xaa Met Pro Asn His Pro Met Glu Val Met Asp Val
65 70 75 80

30 Ser Gly Ser Arg Gly Pro Glu Ser Gly Val Ser Glu Lys Thr Ser Gly
85 90 95

Ala Ala Ser Glu Ser Gly Gly Met Leu Gly Ala Asp Ala Gly Ser Asn
35 100 105 110

Ala Phe Pro Trp Ser Asn Ala Met Leu Gln Trp Gln Arg Thr Gly Phe
115 120 125

40 His Phe Gln Pro Glu Lys Asn Trp Met Asn Asp Pro Asn Gly Pro Val
130 135 140

Tyr Tyr Lys Gly Trp Tyr His Leu Phe Tyr Gln Tyr Asn Pro Glu Gly
45 145 150 155 160

Ala Ile Trp Gly Asn Lys Ile Ala Trp Gly His Ala Val Ser Arg Asp
165 170 175

50 Met Leu Arg Trp Arg His Leu Pro Ile Ala Met Phe Pro Asp Gln Trp
180 185 190

55

60

65

ES 2 338 864 T3

Tyr Asp Ile Asn Gly Ala Trp Ser Gly Ser Ala Thr Val Leu Pro Asp
 195 200 205
 5 Gly Arg Ile Val Met Leu Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Ala Ser Val Gln
 210 215 220
 Val Gln Cys Leu Ala Phe Pro Ser Asp Pro Ser Asp Pro Leu Leu Thr
 225 230 235 240
 10 Asn Trp Thr Lys Tyr Glu Gly Asn Pro Val Leu Tyr Pro Pro Pro His
 245 250 255
 Val Gly Glu Lys Asp Phe Arg Asp Pro Thr Thr Ala Trp Tyr Asp Gly
 260 265 270
 15 Ser Asp Gly Met Trp Arg Ile Val Ile Gly Ser Lys Asp Asn Arg Arg
 275 280 285
 Ala Gly Met Ala Leu Thr Tyr Lys Thr Lys Asn Phe His Asp Phe Glu
 290 295 300
 20 Leu Val Pro Gly Val Leu His Arg Val Pro Ala Thr Gly Met Trp Glu
 305 310 315 320
 Cys Ile Asp Leu Tyr Pro Val Gly Gly Ala Arg Gly Ile Asp Met Thr
 325 330 335
 25 Glu Ala Val Ala Ala Ala Ser Asn Ser Gly Gly Gly Glu Val Leu His
 340 345 350
 Val Met Lys Glu Ser Ser Asp Asp Arg His Asp Tyr Tyr Ala Leu
 355 360 365
 30 Gly Arg Tyr Asp Ala Ala Thr Asn Lys Trp Thr Pro Leu Asp Ala Asp
 370 375 380
 Ala Asp Val Gly Ile Gly Leu Arg Tyr Asp Trp Gly Lys Phe Tyr Ala
 385 390 395 400
 35 Ser Lys Thr Phe Tyr Asp Pro Ala Lys Lys Arg Arg Val Leu Trp Gly
 405 410 415
 40 Trp Val Gly Glu Thr Asp Ser Glu Arg Ala Asp Val Ala Lys Gly Trp
 420 425 430
 Ala Ser Leu Gln Ser Ile Pro Arg Thr Val Val Leu Asp Thr Lys Thr
 435 440 445
 45 Gly Ser Xaa Leu Ile Gln Trp Pro Val Val Glu Val Glu Thr Leu Arg
 450 455 460
 Thr Asn Ser Thr Asn Leu Gly Ser Ile Ile Val Glu His Gly Ser Val
 465 470 475 480
 50 Phe Pro Leu Ser Leu His Arg Ala Thr Gln Leu Asp Ile Glu Ala Ser
 485 490 495
 Phe Arg Leu Asp Pro Leu Asp Val Ala Ala Ala Lys Glu Ala Asp Val
 500 505 510
 55 Gly Tyr Asn Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ala Ala Gly Arg Gly Ala Leu

ES 2 338 864 T3

	515						520				525					
5	Gly	Pro	Phe	Gly	Leu	Leu	Val	Leu	Ala	Asp	Ala	Arg	Arg	His	Gly	Gly
	530						535					540				
	Asp	Thr	Glu	Gln	Thr	Ala	Val	Tyr	Phe	Tyr	Val	Ala	Arg	Gly	Leu	Asp
	545					550					555					560
10	Gly	Asn	Leu	Arg	Thr	His	Phe	Cys	His	Asp	Glu	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg
					565					570				575		
	Ala	Asn	Asp	Ile	Val	Lys	Arg	Val	Val	Gly	Asn	Ile	Val	Pro	Val	Leu
15				580					585					590		
	Asp	Gly	Glu	Ala	Leu	Ser	Val	Arg	Val	Leu	Val	Asp	Xaa	Ser	Ile	Val
			595				600					605				
20	Glu	Ser	Phe	Ala	Gln	Gly	Gly	Arg	Ser	Val	Val	Xaa	Ser	Thr	Glu	Phe
	610					615						620				
	Asn	Pro	Thr	Glu	Ala	Ile	Tyr	Ala	Asn	Ala	Gly	Val	Tyr	Leu	Phe	Asn
25	625					630					635					640
	Asn	Ala	Thr	Gly	Ala	Arg	Val	Thr	Ala	Thr	Ser	Leu	Val	Val	His	Glu
				645						650					655	
30	Met	Asp	Pro	Ser	Tyr	Asn	Gln	Asn	Gln	Ala	Glu	Met	Ala	Ser	Leu	
				660					665					670		

<210> 5

<211> 1743

35 $\langle 212 \rangle$ ADN

<213> *Lolium perenne*

<400> 5

40	ggcacgagcg	gacgagtgtc	gggtaccatc	acggtgctcc	acaatggcac	gctcgtctcc	60
	ctctacacgg	gggtcacaga	agaccctatg	ccgaggtccc	agtgcatacg	gctcccgacc	120
	gacccaacg	accccctcct	tcgccattgg	accaagcacc	cgcgaaccc	agtctctcgt	180
	caccacaggg	gggtccaggg	catggacttc	cgagaccca	ccagcgctg	gtgggacaa	240
45	tccgactcca	cgtggcgcat	tctcatcgt	tccaargacr	amracaacgg	cagccacgct	300
	ggcwtcscct	tcactctcaa	gaccaaggac	ttccttagct	tcgagcgtgt	tccmagktat	360
	cgttgcatcg	tgttcsargg	twccggcatg	tkggagtga	tcgactttta	ccccgttga	420
	ggtggccaca	actcttcgtc	ggaggagtgt	tactgtataa	aggcgagcga	ggacgacga	480
	cgacacgact	actactcatt	ggggaggtat	gacgcggcag	cgaacacatg	gacgccattg	540
50	gacgccgagc	tagacttggg	gattgggctg	aggtacgact	ggggcaagct	ctacgcttcc	600
	acgtcgttct	acgatccact	gaagcagcgg	cgaattatgt	tgggggtatgt	aggcgaggtc	660
	gactctgcgc	gagccgacgt	tgccaaggga	tgggcctcac	ttcagtcgat	tccgaggaca	720
	gtggcactag	acgagaaagc	cgggacgaac	ctctctctat	ggccgggtga	ggaggtggag	780
	gccccctcgt	acaactccac	cgacctcagc	gtccctactg	ttgagaacgg	ctccatcttc	840
	cacctccctc	tccaccaagc	cactcagctg	gacatcgagg	cttctctccg	cctcgatgct	900
55	tctgatgttg	ctgccatcaa	cgaggccgac	gtcggctaca	actgcagcag	cagcggtggc	960
	gcggccgctc	gtggcgctct	cgggcccttc	ggcctcctcg	tccatgccgc	cggagacctc	1020
	cgtggcgagc	agacggcggt	gtacttctac	gtgtccaggg	ccctcgacgg	tagcctccgg	1080
	accagcttct	gcaacgcaga	gacgcggtcg	tcacggccca	gggacgtgac	gaagcgggtg	1140
	gtgggcagca	cggtcgcggt	gtcgcagcgg	gagggtgtag	cgatgagggt	gctcgtggac	1200
60	cactcgatcg	tgcaagcgtt	cgcgatgggt	gggagggtca	cggcgacgtc	gcgggtgtac	1260
	ccaacggagg	ctatctacgc	cagggcaggg	gtgtacctgt	tcaacaacgc	caccggcgcc	1320
	agcgtgacgg	cggagagggt	catcgtgcac	gagatggcct	cggcggtata	cgacgagacc	1380
	gtcatggtta	aggactcata	gctgctcaca	catgagctat	cagaccggta	acgttgggtc	1440
	actagcattt	tcaagcgttg	aaataattta	cttggcgtag	caagcccggt	gtccgaggtt	1500
65	ccaaaagttaa	ggtgggatat	tcttccaaac	ctcgcgagtc	ccqcaagggt	gtctaggtgt	1560

ES 2 338 864 T3

```

gagtgatg tggtttgcgc acctgcgcgt gtgcttctaa ttgctggat ttgttgttc 1620
tttacagaaa aaaaaggata ctatactatg taagtatcta cattgttgta tmwmwrrrw 1680
awmwwaaran aaaatatatg caagcatgca tgcacgttgt cgtaaaaaaa aaaaaaaaaa 1740
aaa 1743

```

5 <210> 6

<211> 466

<212> PRT

10 <213> *Lolium perenne*

<220>

<221> MISC_FEATURE

15 <222> (94)..(94)

<223> Cualquier amino ácido

<220>

20 <221> MISC_FEATURE

<222> (119)..(119)

<223> Cualquier amino ácido

25 <400> 6

```

Gly Thr Ser Gly Arg Val Ser Gly Thr Ile Thr Val Leu His Asn Gly
1          5          10          15
30 Thr Leu Val Leu Leu Tyr Thr Gly Val Thr Glu Asp Pro Met Ala Glu
    20          25          30
35 Ser Gln Cys Ile Ala Val Pro Thr Asp Pro Asn Asp Pro Leu Leu Arg
    35          40          45
    His Trp Thr Lys His Pro Ala Asn Pro Val Leu Ala His Pro Gln Gly
    50          55          60
40 Val Gln Gly Met Asp Phe Arg Asp Pro Thr Ser Ala Trp Trp Asp Lys
    65          70          75          80
    Ser Asp Ser Thr Trp Arg Ile Leu Ile Gly Ser Lys Asp Xaa Asn Asn
    85          90          95
45 Gly Ser His Ala Gly Ile Ala Phe Ile Phe Lys Thr Lys Asp Phe Leu
    100          105          110
50 Ser Phe Glu Arg Val Pro Xaa Tyr Arg Cys Ile Val Phe Glx Gly Thr
    115          120          125
    Gly Met Trp Glu Cys Ile Asp Phe Tyr Pro Val Gly Gly Gly His Asn
    130          135          140
55 Ser Ser Ser Glu Glu Leu Tyr Val Ile Lys Ala Ser Met Asp Asp Glu
    145          150          155          160
60 Arg His Asp Tyr Tyr Ser Leu Gly Arg Tyr Asp Ala Ala Ala Asn Thr
    165          170          175
    Trp Thr Pro Leu Asp Ala Glu Leu Asp Leu Gly Ile Gly Leu Arg Tyr
    180          185          190
65 Asp Trp Gly Lys Leu Tyr Ala Ser Thr Ser Phe Tyr Asp Pro Leu Lys
    195          200          205

```

ES 2 338 864 T3

5 Gln Arg Arg Ile Met Leu Gly Tyr Val Gly Glu Val Asp Ser Ala Arg
 210 215 220
 Ala Asp Val Ala Lys Gly Trp Ala Ser Leu Gln Ser Ile Pro Arg Thr
 225 230 235 240
 Val Ala Leu Asp Glu Lys Thr Arg Thr Asn Leu Leu Leu Trp Pro Val
 245 250 255
 10 Glu Glu Val Glu Ala Leu Arg Tyr Asn Ser Thr Asp Leu Ser Gly Ile
 260 265 270
 Thr Val Glu Asn Gly Ser Ile Phe His Leu Pro Leu His Gln Ala Thr
 275 280 285
 Gln Leu Asp Ile Glu Ala Ser Phe Arg Leu Asp Ala Ser Asp Val Ala
 290 295 300
 15 Ala Ile Asn Glu Ala Asp Val Gly Tyr Asn Cys Ser Ser Ser Gly Gly
 305 310 315 320
 Ala Ala Ala Arg Gly Ala Leu Gly Pro Phe Gly Leu Leu Val His Ala
 325 330 335
 20 Ala Gly Asp Leu Arg Gly Glu Gln Thr Ala Val Tyr Phe Tyr Val Ser
 340 345 350
 Arg Ala Leu Asp Gly Ser Leu Arg Thr Ser Phe Cys Asn Asp Glu Thr
 355 360 365
 25 Arg Ser Ser Arg Ala Arg Asp Val Thr Lys Arg Val Val Gly Ser Thr
 370 375 380
 Val Pro Val Leu Asp Gly Glu Val Leu Ala Met Arg Val Leu Val Asp
 385 390 395 400
 30 His Ser Ile Val Gln Ser Phe Ala Met Gly Gly Arg Val Thr Ala Thr
 405 410 415
 Ser Arg Val Tyr Pro Thr Glu Ala Ile Tyr Ala Arg Ala Gly Val Tyr
 420 425 430
 35 Leu Phe Asn Asn Ala Thr Gly Ala Ser Val Thr Ala Glu Arg Leu Ile
 435 440 445
 Val His Glu Met Ala Ser Ala Val Tyr Asp Glu Thr Val Met Val Lys
 450 455 460
 40 Asp Ser
 465

<210> 7

<211> 2132

45 <212> ADN

<213> *Lolium perenne*

<220>

50 <221> misc_feature

<222> (459)..(459)

<223> Cualquier nucleótido

55 <220>

<221> misc_feature

<222> (666)..(666)

60 <223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

65 <222> (792)..(792)

<223> Cualquier nucleótido

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (814)..(814)
 5 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 10 <222> (1827)..(1827)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (2033)..(2033)
 <223> Cualquier nucleótido

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2036)..(2036)
 25 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 30 <222> (2042)..(2092)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (2044)..(2049)
 <223> Cualquier nucleótido

 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2046)..(2046)
 45 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 50 <222> (2054)..(2054)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 55 <221> misc_feature
 <222> (2060)..(2060)
 <223> Cualquier nucleótido

 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2063)..(2063)
 65 <223> Cualquier nucleótido

5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2067)..(2067)
 <223> Cualquier nucleótido

10 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2072)..(2072)
 <223> Cualquier nucleótido

15 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2074)..(2074)
 <223> Cualquier nucleótido

20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2077)..(2077)
 25 <223> Cualquier nucleótido

<220>
 <221> misc_feature
 30 <222> (2062)..(2082)
 <223> Cualquier nucleótido

<220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (2085)..(2085)
 <223> Cualquier nucleótido

40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (2088)..(2088)
 45 <223> Cualquier nucleótido

<220>
 <221> misc_feature
 50 <222> (2090)..(2090)
 <223> Cualquier nucleótido

<220>
 55 <221> misc_feature
 <222> (2096)..(2096)
 <223> Cualquier nucleótido

60

65

ES 2 338 864 T3

<400> 7

5	ggcagcagcc	ggcttactct	gctcgccga	catcacgta	cgcagatccc	aacggtccgg	60
	tctactatgg	cggatggtag	cacctcttct	accagcaca	cccctatggc	gactcgtggg	120
	gaaacgtatc	ttggggacat	gccgtgtcca	aggacctgg	gaactggcgc	cacctcccgg	180
	tcgccttgg	gccgatcag	tgttacgaca	tcaacggcgt	cctgacgggc	tctatcacag	240
	tgcctccaga	cggcggtgtc	atcctgctat	atacgggaa	caccgacacc	ttttcgcagg	300
	tccagtgcct	cgcagtgcct	gccgacccat	ctgacccgct	ccttcgtagc	tggatcaagc	360
10	accccgccaa	ccccatcctt	tttccgccac	ctgggatcgg	gctcaaggac	ttccgtgacc	420
	cgttcacagc	ctggttcgaa	cattccgaca	acacgtggng	caccatcatt	ggatccaagg	480
	atgacgacgg	ccacgccggc	atcgkcctta	gctacaagac	caccgacttt	gtgaattatg	540
	agctcatgcc	agggaacatg	catygtggcc	ccgacggcac	cggcatgtac	gagtgccttg	600
	acatctaccc	tgtggggcgg	aactcatccg	agatgttggg	tggcgactcc	tcacctgagg	660
	tgttgntcgt	gttcaaggag	agcgccaacg	acgagtggca	cgaactactac	gcgcttgggt	720
15	ggtttgacgc	tgcgcgaac	acgtggacgc	cacaggaccc	cggggcggac	cttgggatcg	780
	gcctcaggta	cnactggggc	aagtaactacg	cgtncaagtt	cttctacgac	ccgatcaaga	840
	accggcgtgt	cgtttgggct	ttcgtcgcg	agaccgaetc	tgarcaggcc	gacaaagcca	900
	agggatgggc	gtccctyatg	tcgattccca	ggacsgtggg	gcttgacaag	aagacccgga	960
20							
	cgaacctgat	ccaatggcma	gtggaggaga	tcgagaccct	tcgcaggaac	gtcacagacc	1020
	tcgggtggcat	caccgttgaa	gccgggtccg	tcattcacct	tccctcca	caaggcgggc	1080
	agcttgacat	cggagcctcc	ttcgtctca	actcttcgga	catcgatgca	ctcaacgagg	1140
25	ccgacgtcgg	cttcaactgc	agtagcagcg	atggggcagc	cgtgcgtgg	gcgctcgcc	1200
	cctttggcct	cctcgtcttc	gccgacggtc	gccacgaaca	gacggcggcg	tacttctacg	1260
	tctccaagg	cctcgacggc	agcctcctga	cgcactactg	ccacgacgag	tcacggtcga	1320
	cgcgagcaaa	ggacgtcgtg	agccgggtgg	ttggcggcac	tgtgccagt	cttgacggtg	1380
	aaaccttttc	agtgaagggt	ctaagtggac	actccatcgt	gcagagcttc	gtgatgggtg	1440
30	ggaggaccac	ggtgacatcg	cgggcatacc	cgaaggaggc	catctacgcc	gcggcagggg	1500
	tgtacctgtt	caacaacgca	ecgagcgcca	cca tcactgc	cgaagggtc	gtcgtgtacg	1560
	agatggcctc	ggccgagagt	cgggccttct	tggctgacga	catgtagatg	aaactagt	1620
	aagaacatgt	caatggcgat	cgtcaagctt	gctggatggg	gacgtgggtc	acagagatct	1680
	tcattcgcaa	gttcgcgggt	atgttgtagc	taggggtgg	ccattgcatg	ctgtggaggg	1740
35	gctgacggct	ctctttggac	tggattgcga	tctggccaag	acggtatgac	gagaagccct	1800
	cgtcgcccat	ggctgggcaa	agcagnttgg	accagaagg	gttgggtcat	gtcgttgca	1860
	ctgatgacac	gatggtgccc	aacgaggcat	cctgacttcc	acatcgtctc	tgcgcatgtr	1920
	atgctcctta	ctatctacct	ctccccctt	gttagttttg	ttggtctgtc	gtcctacctg	1980
	atgtagctcc	aatctttgtt	gccgggtgct	ttttgtccca	gttgttcaac	cgnatnttgc	2040
40	cnangnacgg	ttanctaaan	tgnntcnaac	angnttngag	cntgnaangn	ttaaantttt	2100
	tgctggaana	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aa			2132

<210> 8

45 <211> 534

<212> PRT

<213> *Lolium perenne*

50 <220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (222)..(222)

55 <223> Cualquier amino ácido

<220>

<221> MISC_FEATURE

60 <222> (271)..(271)

<223> Cualquier amino ácido

65

ES 2 338 864 T3

<400> 8

5	His	Glu	Pro	Ala	Tyr	Ser	Ala	Arg	Pro	Thr	Tyr	Thr	Tyr	Ala	Asp	Pro	1	5	10	15
10	Asn	Gly	Pro	Val	Tyr	Tyr	Gly	Gly	Trp	Tyr	His	Leu	Phe	Tyr	Gln	His	20	25	30	
15	Asn	Pro	Tyr	Gly	Asp	Ser	Trp	Gly	Asn	Val	Ser	Trp	Gly	His	Ala	Val	35	40	45	
20	Ser	Lys	Asp	Leu	Val	Asn	Trp	Arg	His	Leu	Pro	Val	Ala	Leu	Val	Pro	50	55	60	
25	Asp	Gln	Trp	Tyr	Asp	Ile	Asn	Gly	Val	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Thr	Val	65	70	75	80
30	Leu	Pro	Asp	Gly	Arg	Val	Ile	Leu	Leu	Tyr	Thr	Gly	Asn	Thr	Asp	Thr	85	90	95	
35	Phe	Ser	Gln	Val	Gln	Cys	Leu	Ala	Val	Pro	Ala	Asp	Pro	Ser	Asp	Pro	100	105	110	
40	Leu	Leu	Arg	Ser	Trp	Ile	Lys	His	Pro	Ala	Asn	Pro	Ile	Leu	Phe	Pro	115	120	125	

ES 2 338 864 T3

	Pro	Pro	Gly	Ile	Gly	Leu	Lys	Asp	Phe	Arg	Asp	Pro	Leu	Thr	Ala	Trp	
		130					135					140					
5	Phe	Glu	His	Ser	Asp	Asn	Thr	Trp	Arg	Thr	Ile	Ile	Gly	Ser	Lys	Asp	
	145					150					155					160	
	Asp	Asp	Gly	His	Ala	Gly	Ile	Ala	Leu	Ser	Tyr	Lys	Thr	Thr	Asp	Phe	
				165						170					175		
10	Val	Asn	Tyr	Glu	Leu	Met	Pro	Gly	Asn	Met	His	Arg	Gly	Pro	Asp	Gly	
				180					185					190			
	Thr	Gly	Met	Tyr	Glu	Cys	Leu	Asp	Ile	Tyr	Pro	Val	Gly	Gly	Asn	Ser	
15			195					200					205				
	Ser	Glu	Met	Leu	Gly	Gly	Asp	Ser	Ser	Pro	Glu	Val	Leu	Xaa	Val	Leu	
		210					215					220					
20	Lys	Glu	Ser	Ala	Asn	Asp	Glu	Trp	His	Asp	Tyr	Tyr	Ala	Leu	Gly	Trp	
	225					230					235					240	
	Phe	Asp	Ala	Ala	Ala	Asn	Thr	Trp	Thr	Pro	Gln	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	
					245					250					255		
25	Leu	Gly	Ile	Gly	Leu	Arg	Tyr	Asp	Trp	Gly	Lys	Tyr	Tyr	Ala	Xaa	Lys	
				260					265						270		
	Phe	Phe	Tyr	Asp	Pro	Ile	Lys	Asn	Arg	Arg	Val	Val	Trp	Ala	Phe	Val	
30			275					280					285				
	Gly	Glu	Thr	Asp	Ser	Glu	Gln	Ala	Asp	Lys	Ala	Lys	Gly	Trp	Ala	Ser	
		290					295					300					
35	Leu	Met	Ser	Ile	Pro	Arg	Thr	Val	Glu	Leu	Asp	Lys	Lys	Thr	Arg	Thr	
	305					310					315					320	
	Asn	Leu	Ile	Gln	Trp	Pro	Val	Glu	Glu	Ile	Glu	Thr	Leu	Arg	Arg	Asn	
				325						330					335		
40	Val	Thr	Asp	Leu	Gly	Gly	Ile	Thr	Val	Glu	Ala	Gly	Ser	Val	Ile	His	
			340						345					350			
	Leu	Pro	Leu	Gln	Gln	Gly	Gly	Gln	Leu	Asp	Ile	Glu	Ala	Ser	Phe	Arg	
		355						360					365				
45	Leu	Asn	Ser	Ser	Asp	Ile	Asp	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Asp	Val	Gly	Phe	
		370					375					380					
50	Asn	Cys	Ser	Ser	Ser	Asp	Gly	Ala	Ala	Val	Arg	Gly	Ala	Leu	Gly	Pro	
	385					390					395					400	
	Phe	Gly	Leu	Leu	Val	Phe	Ala	Asp	Gly	Arg	His	Glu	Gln	Thr	Ala	Ala	
				405						410					415		
55	Tyr	Phe	Tyr	Val	Ser	Lys	Gly	Leu	Asp	Gly	Ser	Leu	Leu	Thr	His	Tyr	
			420						425					430			
	Cys	His	Asp	Glu	Ser	Arg	Ser	Thr	Arg	Ala	Lys	Asp	Val	Val	Ser	Arg	
			435					440					445				

ES 2 338 864 T3

Val Val Gly Gly Thr Val Pro Val Leu Asp Gly Glu Thr Phe Ser Val
 450 455 460
 5 Arg Val Leu Val Asp His Ser Ile Val Gln Ser Phe Val Met Gly Gly
 465 470 475 480
 Arg Thr Thr Val Thr Ser Arg Ala Tyr Pro Thr Glu Ala Ile Tyr Ala
 485 490 495
 10 Ala Ala Gly Val Tyr Leu Phe Asn Asn Ala Thr Ser Ala Thr Ile Thr
 500 505 510
 Ala Glu Gly Leu Val Val Tyr Glu Met Ala Ser Ala Glu Ser Arg Ala
 515 520 525
 15 Phe Leu Ala Asp Asp Met
 530

20 <210> 9
 <211> 9538
 <212> ADN
 25 <213> *Lolium perenne*
 <220>
 <221> misc_feature
 30 <222> (3698)..(3698)
 <223> Cualquier nucleótido
 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (4669)..(4669)
 <223> Cualquier nucleótido
 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (5546)..(5546)
 45 <223> Cualquier nucleótido
 <220>
 <221> misc_feature
 50 <222> (5611)..(5611)
 <223> Cualquier nucleótido
 <220>
 55 <221> misc_feature
 <222> (5615)..(5615)
 <223> Cualquier nucleótido
 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (5616)..(5616)
 65 <223> Cualquier nucleótido

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (6033)..(6033)
 5 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 10 <222> (6221)..(6221)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (6401)..(6404)
 <223> Cualquier nucleótido

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6502)..(6502)
 25 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 30 <222> (6528)..(6528)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 35 <221> misc_feature
 <222> (6533)..(6533)
 <223> Cualquier nucleótido

 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6534)..(6534)
 45 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 <221> misc_feature
 50 <222> (6536)..(6536)
 <223> Cualquier nucleótido

 <220>
 55 <221> misc_feature
 <222> (6619)..(6619)
 <223> Cualquier nucleótido

 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (6627)..(6627)
 65 <223> Cualquier nucleótido

ES 2 338 864 T3

<220>
<221> misc_feature
<222> (6632)..(6632)
5 <223> Cualquier nucleótido

<220>
<221> misc_feature
10 <222> (6647)..(6647)
<223> Cualquier nucleótido

<220>
15 <221> misc_feature
<222> (6675)..(6675)
<223> Cualquier nucleótido

20 <220>
<221> misc_feature
<222> (6696)..(6696)
25 <223> Cualquier nucleótido

<220>
<221> misc_feature
30 <222> (6735)..(6735)
<223> Cualquier nucleótido

<220>
35 <221> misc_feature
<222> (6749)..(6749)
<223> Cualquier nucleótido

40 <220>
<221> misc_feature
<222> (7516)..(7516)
45 <223> Cualquier nucleótido

<220>
<221> misc_feature
50 <222> (9095)..(9095)
<223> Cualquier nucleótido

<220>
55 <221> misc_feature
<222> (9121)..(9121)
<223> Cualquier nucleótido

60 <220>
<221> misc_feature
<222> (9260)..(9260)
65 <223> Cualquier nucleótido

ES 2 338 864 T3

<220>

<221> misc_feature

<222> (9471)..(9471)

5 <223> Cualquier nucleótido

<400> 9

10	ctcgtggttc aagttacgaa caccacacaa caaacatccg gatcatgata aacattacgg	60
	cccaaaaggt gccgagcggg gacctgattat tggcctacgc cacctggtga acttcttgct	120
	gctgctgcgg ccggttctgc tgagcgaaaa ccggttgccg atttgccccg gttagcggtg	180
	gcggtggtgg caacgcctcg aaaacttggt ctctgtcatc ttcatcatg cctctctcca	240
15	tcaacctctt ggtccaggag caatcttttt gttagggtgg ttgccggtct cgttggattc	300
	ggtgtgtgcg aacggcacgg ctgatccata gggattcca tgggtgtactt ggccctggtcc	360
	tgccatggtt ttttctccac ccattgtttc ttttggccag cccacggctg cgttccagtt	420
	ttctgccttt ggettcaccc agcgccctgaa ttgtcttgca ctgcagccac ttgttgcatc	480
	ccatctcttc tatccgggaa atcttccgtt gttttgttat gatggttgtt ccggtgtcga	540
20	tctgggcggg gtgggaatct tgggtgctgga ttccgctccg tgcgcgggtg cattggtct	600
	cccagcgcct aggttatcag ccacccagat catttcgggt aagggtggttg gcatgtttct	660
	ttgttaacttt gccamaacgg tgagccctct ccggcatccat tgcctgaacca agcaatttcc	720
	tgtgtctcaa tcacaccctc gcaagagttt cttgttgagt tccacccggg cagatagccc	780
	cggctctgtt tattctcggg ctggttggcac atggcgagct gctgcgggtct gtttggcctc	840
25	cggtatgtac tgctgaagtt gctcacgaat gcttcttcaa aatcaagcca gccgtttatg	900
	cttccctttg gcaaatgtt gagccaaatg ctagtcgggt ctaccagcac tgacggtatg	960
	tatcttaaca cccagcggcg gtttccctcg ccagctggg ttccctccac tccagcgaca	1020
	tataccgttg tgacgtagt tgcacgcaaa tcttccggct ttgttggtgc ategtacgtt	1080
	tttgtgtcac ggggcaactg aaagtttgcgt accgggttgc cttccctcat gatccggggg	1140
30	tcaaaacatt gtggaaccgg cggaccccca gccctgatca tctcaaxaga aatatacttt	1200
	tgtccaaagc tatgtcgtgc atctctatcc gggcaaaagca ccttctctcc aaacgttctc	1260
	cagagagggt tcggttratt ccggttcgct cccatccgta atcggttcca ccataccggg	1320
	tgggtgcgac cgtgacaccc cttgggtacc tcagcacttc tgcctcttgt gcagcgtgtc	1380
35	ccgcccttgc tgggcgatag ttttgcccg tttcacccgt tccggcacca gcatttccgg	1440

40

45

50

55

60

65

ES 2 338 864 T3

	cataaccggt	tccggcagtg	ectgcccctt	ggctttttct	accgggatcg	tgttgcccgg	1500
	ctctctgttt	tccggccaaa	accggatcat	aaacagtcab	ccgttgtgca	tttgcatctt	1560
	ttttctcttt	tttgctcggg	tggggggacg	aagcatgccc	atgcgacttg	cttccggcat	1620
5	ttcttgccga	acgcaccaat	tgcgatgcag	cagctgcctt	ggtgttttcg	gccatctctg	1680
	tattttgtgc	ctcaatcata	tctagcagtt	ctccccatgc	tgtatgtttt	gctaaggcat	1740
	ctcttgaaaa	ggaatcacat	gcttatacag	cagccctagt	agctttcaaa	gttttatccg	1800
	gaactgtata	cttaggtttc	tctaccatga	tcaaagatac	cgacacgctc	ttaccggaaa	1860
	gaacctcccg	cgtagatcc	tgatctaggt	tacgacctct	aaagccgttt	ccagctatcc	1920
	tagcagggtt	tgcgctaaca	gaagcaaaac	catgagcagc	gttatactca	cgtagggtca	1980
10	ggttgagctc	ctgctgagcc	ttgacgatgt	ttcctgcact	ggagagcagc	ttctgtctgt	2040
	gtgctccag	tccggcttgg	gtgctgcag	cgtcgggtgt	gtgcgcgatg	ggcgtggcca	2100
	acaagctcat	ggcgcttgac	agtggggttg	cttccgggtg	cgcggtagaa	gcaccggcga	2160
	cgatctctac	gcgctcggtc	ggaggtcttg	ccgtgcacgt	ggacttggtt	tgcccagggc	2220
	cctccccctg	actttcttta	ccggcgccctc	cagcgccagc	cctcatcacc	tccacgctgt	2280
	cggcggcgcg	gtcgtagcgc	ggccccgcgag	aagctgaaga	ccttgccgga	tccggcgcca	2340
15	ccaagcaccg	cgtaggtac	tggcgctctg	gcacggtgcc	gaagtagatg	cgttggtgag	2400
	cggactcgaa	gatgcggccg	ttcttgggga	agcgccacc	gttggtgaag	cagcctgcgt	2460
	tgttgttgac	gaaatccagc	gagccgraga	cggtgaggag	gcctgcctgg	atatgaactc	2520
	cagcaagcgc	agctgctggc	cccatggttg	gcgcacactg	tctctgttgt	gtacaacacg	2580
	atgccatagc	gttgcttaag	tggggccga	cttgtgccta	gaggatcccg	gggagggttt	2640
20	ggttaacagg	gaaagagaga	aaagaagctg	gtatgtattg	atgaacttgg	ccgatggcca	2700
	gaggttgaag	acagtagcgt	acaggacctt	agcaacttgc	tactaaactg	cctaatttct	2760
	ctattgaatc	gatctctctg	tgtatgggtg	tacccccctc	ccttatatag	gggagagggt	2820
	ggctttcaag	ggaagaaacc	ctaattggaat	ctttgatgag	ctaagctact	ttataaagcc	2880
	actctggccc	agctgacacc	ggctctatct	ttaatcaggg	actgatgacc	tccggccgta	2940
	tcttttaagt	caccttctgc	tttgggtcca	gggcttcgat	taaagctgaa	gtgcttctgt	3000
25	catctttgtc	cttttagtct	tgggtggaatc	tttggctgaa	gtgcccagag	gctacagtga	3060
	tccaataccg	gtttgcccgt	acccttacct	ctgagttccg	gtaccttggt	ccttgggtgat	3120
	atggcctcct	tattgcccag	actccggtat	acccctcctg	ggataccggt	tcttacttagc	3180
	tctgccttagc	taagattaac	tttagagtcc	ggatcactct	ttgatccggt	ttataactac	3240
	catattatgg	cttattttgcc	atagtcttg	cctaccgggg	gccatcccc	cgacagcccc	3300
30	ttacgcgcgc	tgatgttatc	attggacggc	agcggtttcc	tggccaactg	cca taggaag	3360
	caccttccct	gggaccatga	tctgccacaa	gtcactgaag	tgtttggaag	gggtgcccctg	3420
	gcagagctta	aggtacaaa	accgcactaa	gaatctcccc	gaagattcta	gcgcccaggt	3480
	aaccttatct	tgcaaaacctg	aggtgggttg	taccgtgaac	tcccgcgtga	ggttagacaa	3540
	atcaacacag	tcccaaaagc	ccagcccgcg	ccgaacgggt	agatgtcagg	ccccccaca	3600
35	acgagaggag	tccgggtcag	gcctcctgct	cagtcacaa	ggcaaaagag	gaggggaacc	3660
	tatcgmacag	gggtcccgac	ccctgccact	agtctgnta	gaagctcgcc	gtcttaccat	3720
	tatgcactgt	gtgctctgcc	cccaagcgaa	aaaggtgttt	gagttttctg	atagagttcc	3780
	agaactcgca	gcccggctcg	tgtgcattca	acatcaggtc	ccttatccctg	aggtacttgt	3840
	tccgtaggat	ctccgcccag	aggccttgct	ccccagcata	aagcctccag	atccacttaa	3900
	ccacaagaca	cgcgttcatg	agcctggtgt	ccacaattcc	aagcccccaa	gctctttggc	3960
	ctacagatcg	ccgaccacct	caccagtggt	tatttccgct	tggtagtctg	ggcttcccaa	4020
40	tagaagcgtg	atcggtgtct	atccataatg	atgtgcggcc	cctccccag	aaggaaaacc	4080
	gtcatcgcca	tggcatgaag	cggtaggcta	gataagcaag	tgttagtgag	ggtcagccta	4140
	cgcgcagag	gacataagct	tccccatcca	cggctcggcg	cgtttacctt	ccttggccat	4200
	aagaggaccc	cagtcgcgga	gcagtgaag	cgcgatcact	gatcgttagc	cscatgtatg	4260
	agaatggaaa	ggacccaagt	ttgcagttga	gcataatgcg	gatcctgggc	cca tcttct	4320
45	gatccatacc	taaacaccata	acctcacttt	tgtggaaatt	gatccttagc	cccgacatgc	4380
	tctcaaaaca	gagcagaatg	tacttcaaat	tggccacggc	caaatcatca	ggctggatca	4440
	taataatggt	gtcgtcagca	tattacaagt	gagatacccc	caggtatcaa	gtgtgggatt	4500
	accccccgag	tatgaccggc	ccctctagct	ttctctagaa	tagcagctag	ggcttcgaca	4560
	acgtatgcga	agagaatagg	ggataggggg	tcaccttggc	gcaccccgcg	ccaattgcga	4620
	aagtatttcc	caatgtctcc	attaatggag	attgcagctc	ggcctaccna	gaccagactg	4680
50	aggccccgt	gcacmtaaag	ttggctcaaa	accccttgca	tataagamec	tcaaggaggga	4740
	aggggccagt	tcacccggat	cataggcttt	ctagaagtct	aatttttagga	atactcccct	4800
	aagcttccct	gacttggaat	catggatgat	ttcttgggag	ggccagaaacg	cccctcgtga	4860
	atgtgtctcc	ctttgatata	ggcggaattg	gaacgactaa	tggctcatgtg	cgcgaatagg	4920
	gatagcctag	tggcataagc	tttggcaaca	aacttaaaaa	tcacattaat	cagcgcaatc	4980
55	ggcctaattgt	gtcacattcc	ccatctctta	tggctttctc	gcgccacata	ttttatatgc	5040
	cggaaacgggt	gccaaccggc	taactggaat	tggccaacaa	tggtagacaa	tgtwaagaga	5100

ES 2 338 864 T3

	ctactaggtc	atggtcaaga	cgatcatgta	cgtagagggg	caaaaaattg	catgtgaggt	5160
	taaaaccgggt	cggagaagaa	gcggcagcgg	cggcgccggc	tcgacacggg	ctsgaggttg	5220
	aagatgaagg	gcattctcaag	atttccattg	taatttttat	tttcgttcgg	gagtcgtttct	5280
5	tttaattgcta	aggtttttatt	cgcaaaaaaa	aaagaaatgg	gttggggaag	aagggaagag	5340
	gaatggagta	acaaggcata	tacaaaaaaa	gattatgtac	acacgggtcac	aggaataggg	5400
	aagggaagga	tagagaataa	aaagtgccta	gaaatggata	gcaactatat	atccaaaaag	5460
	aaaaaagatc	aaccggggcga	gcgataaagag	aggatccacc	gatctcgtag	ggtcaatgtc	5520
	cattttaccc	tcgctgaccg	cccggaccga	cactccagcc	acctccaccg	gcctacggac	5580
	gccttgcat	cccgcgcctt	gtttccattt	ngggnncccg	cgacgtata	aatcccgcct	5640
10	gttggctcgc	tcgggaagcc	acatccatca	gaatctgctc	catttgtttt	ggaattcgcc	5700
	catggagttc	cgggtccattc	ccggcgcgta	cgcgtacgag	ccgctgcccc	actcctacga	5760
	cgacgcccat	ggccacgaag	accgcgggag	caecggcggc	gtgaggtggc	gcgcgtgcgc	5820
	gcctgttcct	cgcgcgctcg	ccctggtcgt	cttcgtggto	gccagcacgc	tcgcggggtc	5880
	gaggggtggac	cgcgtgggycg	tcgacgtggc	cgccatggcg	gcgctgtcgg	agacggcgag	5940
	gagccgcggg	agggacgcgg	gcgtgtcggg	gaagacgtcc	ggcgcgcgcg	acgagatggg	6000
15	gttccctcgg	gccggcgccg	gcgcgcagcc	cgnccgggtc	ccgtggagca	acgccatgct	6060
	gcctgtggcg	cgccacgggtt	tccatttcca	gcccgagatg	aactggatga	acggtacgtg	6120
	ccacgatcca	tatccattac	tcctttccct	ttcccgctcg	attcaggctc	agatgtatat	6180
	atcttgcttt	catactctatc	tatacatctc	tcgcgcgtgg	ntgwtttgat	cgacatatat	6240
	aagctgacgc	tgttgccatt	gctttctttc	ctgttttgcct	gntgctgcgg	ccgkcgccgt	6300
20	acctttctcyg	gcgacgacat	gcctgcagat	cccaacgggt	agtaaccgatt	aaccgctctc	6360
	tatcccatgg	aataattcttg	ttcaattgtc	cgtttgcctc	rtcnccgctt	gtctcgcgg	6420
	cgcgcgcgga	agggaaacca	tattctgcac	tattttgacc	acgcgccatt	ggttgccgca	6480
	aaactgaac	cgggtgtgat	gnatatagag	agatccagat	tacctcgntc	ccnntntctc	6540
	attggtacac	acgatttaac	acgtccccc	tgcataaatg	tgcacagcgt	aacccaagc	6600
	gattattatc	ctttatttng	ccataancct	angcatatat	aaatccncc	aatcacctat	6660
25	ccacaccttc	cttanctgac	tctagtttta	gtatanattt	gcattcttta	taactaatcc	6720
	ttgttttcat	ctatntacgg	cctggattna	totaatcttr	aatttrtcyr	gcaggtccgg	6780
	tkatttctcg	mggatggtac	accctctctc	accagtacaa	cccygagggg	ccggtgtggg	6840
	gcaacatcgc	gtggggccac	gcygtstcyc	gggacctrgt	ccactgggcg	cacctccccc	6900
	tcgcmatgg	gcgygaccaa	tggtacgaca	tcaamggtgt	ctggacrggc	tcgycacayg	6960
30	tggtcccyga	ygggaacmctc	aaactgctct	acacgggggt	caccaaaggc	tcctgtcagg	7020
	tgcttgctc	cgccgtgccc	gaggaaccca	wgactccyt	cctccgcaac	tggaacaaag	7080
	acgaagccaa	ycocgtgctc	ctcccgccrc	ccgggatcgg	wgacaagrac	ttccgtgacc	7140
	cgacccacgc	mtggttcgag	gagtcggacc	agcgtggcg	mmcgctcatg	ggtccaagga	7200
	caacaacgxc	caygcgggga	taxccatgg	gtacaagac	marqaactcc	tcaactaaga	7260
35	gtccatcysa	ggatacttgc	atcgtgtcga	tgccactggc	atgtgggagt	gcatcgactt	7320
	ctaccccggt	ggaggcaaga	acggcagcga	ggagtgtgac	gtgatcaagg	agagcagoga	7380
	cgacgcacga	catgactgg	acacgctagg	gaaatcggac	gcggcagcca	acacgttcac	7440
	ggcgcgggac	ccggagaacg	acctagggat	tgggtcagg	tacgactggg	gcaagtctta	7500
	ccggtccaa	acctntnac	atccggccaa	gaacggcgga	gtgctctggg	gatggatcgg	7560
	cgagacccga	tctgagcgcg	ccgatgtcgc	caagggatgg	gcacccctca	tggatctgct	7620
40	gcttttccct	tactgctctc	catcttttgt	tcgttatgca	tatgttagtt	ccatctcata	7680
	catctctgca	ttgatcagac	cttcaacctg	cttaatcgaa	atgttgatgc	aagcatgcct	7740
	atagatgctg	acggatcggc	ccgcgcacac	atacgttggc	agagaactgt	taa tcgcatt	7800
	gtcaatggga	tgagaatgga	tttatgtctg	ctaatgggtc	gtggggattg	gcgacggtgt	7860
	cacgcacoga	ttaattgata	cacagctcgc	agtcattgcc	tttaacgttt	tcttttccgt	7920
	tttaaccacc	tacctaacct	taggctgcct	gtcgccagct	atatcgctgt	tgagaagatt	7980
45	gaaatccaa	agcaagtaca	ataagatcta	gtcagctggc	tccaaggatt	aaaataatat	8040
	atttggtgtc	agttggagg	gagataggag	gagagagaat	gtgagtatgc	tcttatgcaa	8100
	gagctagctc	tagcacgtgc	tccataggca	ggtgtgtgaa	tgaaagggtg	gtcatccatt	8160
	gaaaaaatag	tacattctaa	tagccaacta	ttgtacttgt	tggctacatg	ttgactatag	8220
	atgacatggc	atcttgctta	tagcccaaca	accggctata	ctattggagt	tgcctctcaa	8280
	atgacaactg	ggatttataa	cgtgcattga	tgttccgtga	gatctttagt	taattcccaac	8340
50	tcatgcacct	aattaaagatg	taccagttga	cctgactgtg	caaacgtacg	tacccatacc	8400
	cttctcgaag	ctattagtat	aatgcattga	accctttttg	gtgatccctc	cctgtggtag	8460
	gttctstact	agttatcaat	tgaaggcta	gctgaatttc	aagagtaatt	tttctctgac	8520
	cagttccata	ttctccgttg	catcttccaa	actttgggtc	acgggtgcaa	gccaaagtgc	8580
	attttctaac	aacatgttat	agcaaaagact	atatcccaac	caactggcat	gcatgtgccc	8640
55	tcgctcagca	ccacatgtgc	acgccacgtc	gatcccaagt	ggaaccacgt	gga tgcctaa	8700
	ataaatgtat	cgatggcttc	tgatgctgac	cgttatgatt	ggcaaccgga	tcttaattta	8760

ES 2 338 864 T3

```

tctgctccca gctaaccacc aaatttcaac tttctcctac ctccctgtct ggaatagaca 8820
ggatctgcat ggtaatatta tgtatttgat tagtcgtgcc aaacatggat ccgactaatc 8880
gttcttcatc agtttgaaca ttctttactc ttgtgcatat gtgacaccaa tttgttctgc 8940
5 tcttgatatt ttcttttcca agatgttgat gtgcataatg cgtgatcgat cattggacct 9000
acctctgctt gaattatatt aactaagaaa atgattgatt gatgtgtgct tgcagtcgat 9060
tccgaggacg gtggaactcg acgagaagac ccggnccaac ctcatccaat ggccggtgga 9120
ngagctcgag accctccgca tcaagtccac cgacctcggg ggcgtcacca tcgaccacgg 9180
cagcgtctac ccaactccctc tccaccgcgc cacacaactc gacattgagg cctccttccg 9240
10 catcgacact gccaccgtcn ctgccctcaa tgaggctgac gttggctaca attgcagcac 9300
cagcgggtggc tctgccaacc gtggcgcaact cggccccctt ggccctcctc tcctcgccga 9360
cggtaaggca gagcagacgg cagtgtactt ctatgtggcc aagggcctcg acgggaccct 9420
ccaaaccac ttctgccacg acgagtcacg gtcgacggta tcgataagcc ntgatatcga 9480
attcctgcag cccgggggat ccactagttc tagagcggcc gccaccgcgg tggagctc 9538

15 <210> 10
    <211> 554
    <212> PRT
20 <213> Lolium perenne

    <220>
    <221> MISC_FEATURE
25 <222> (66)..(66)
    <223> Cualquier amino ácido

    <220>
30 <221> MISC_FEATURE
    <222> (111)..(111)
    <223> Cualquier amino ácido

35 <220>
    <221> MISC_FEATURE
    <222> (160)..(160)
40 <223> Cualquier amino ácido

    <220>
    <221> MISC_FEATURE
45 <222> (194)..(194)
    <223> Cualquier amino ácido

    <220>
50 <221> MISC_FEATURE
    <222> (233)..(233)
    <223> Cualquier amino ácido

55 <220>
    <221> MISC_FEATURE
    <222> (236)..(236)
60 <223> Cualquier amino ácido

    <220>
    <221> MISC_FEATURE
65 <222> (259)..(259)
    <223> Cualquier amino ácido

```

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (286)..(286)
 5 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 10 <222> (290)..(290)
 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 15 <221> MISC_FEATURE
 <222> (291)..(291)
 <223> Cualquier amino ácido

 20 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (297)..(297)
 25 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 30 <222> (302)..(302)
 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 35 <221> MISC_FEATURE
 <222> (306)..(306)
 <223> Cualquier amino ácido

 40 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (388)..(388)
 45 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 50 <222> (434)..(434)
 <223> Cualquier amino ácido

 <220>
 55 <221> MISC_FEATURE
 <222> (442)..(442)
 <223> Cualquier amino ácido

 60 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (489)..(489)
 65 <223> Cualquier amino ácido

ES 2 338 864 T3

<400> 10

	Met	Glu	Ser	Arg	Ser	Ile	Pro	Gly	Ala	Tyr	Ala	Tyr	Glu	Pro	Leu	Pro	
	1				5					10					15		
5	His	Ser	Tyr	Asp	Asp	Ala	His	Gly	His	Asp	Asp	Arg	Arg	Ser	Thr	Gly	
				20					25					30			
	Gly	Val	Arg	Trp	Arg	Ala	Cys	Ala	Ala	Val	Leu	Ala	Ala	Ser	Ala	Leu	
			35					40					45				
10	Val	Val	Phe	Val	Val	Ala	Ser	Thr	Leu	Ala	Gly	Ser	Arg	Val	Asp	Arg	
		50					55					60					
	Val	Xaa	Val	Asp	Val	Ala	Ala	Met	Pro	Ala	Leu	Ser	Glu	Thr	Ala	Arg	
	65					70					75					80	
	Ser	Arg	Gly	Arg	Asp	Ala	Gly	Val	Ser	Glu	Lys	Thr	Ser	Gly	Ala	Ala	
15					85					90					95		
	Asp	Glu	Met	Gly	Phe	Leu	Gly	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Asp	Ala	Xaa	Gly	
				100					105					110			
20	Phe	Pro	Trp	Ser	Asn	Ala	Met	Leu	Gln	Trp	Gln	Arg	Thr	Gly	Phe	His	
				115				120					125				
	Phe	Gln	Pro	Glu	Met	Asn	Trp	Met	Asn	Asp	Pro	Asn	Gly	Pro	Val	Tyr	
		130					135						140				
25	Tyr	Arg	Gly	Trp	Tyr	His	Leu	Phe	Tyr	Gln	Tyr	Asn	Pro	Glu	Gly	Xaa	
	145					150					155					160	
	Val	Trp	Gly	Asn	Ile	Ala	Trp	Gly	His	Ala	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	Val	
				165						170					175		
30	His	Trp	Arg	His	Leu	Pro	Leu	Ala	Met	Val	Pro	Asp	Gln	Trp	Tyr	Asp	
				180					185					190			
	Ile	Xaa	Gly	Val	Trp	Thr	Gly	Ser	Ala	Thr	Val	Phe	Pro	Asp	Gly	Thr	
			195					200					205				
35	Leu	Asn	Met	Leu	Tyr	Thr	Gly	Ser	Thr	Asn	Ala	Ser	Val	Gln	Val	Gln	
		210					215						220				
	Cys	Leu	Ala	Val	Pro	Glu	Asp	Pro	Xaa	Asp	Ser	Xaa	Leu	Arg	Asn	Trp	
	225					230					235					240	
40	Thr	Lys	His	Glu	Ala	Asn	Pro	Val	Leu	Leu	Pro	Pro	Pro	Gly	Ile	Gly	
				245						250					255		
	Asp	Lys	Xaa	Phe	Arg	Asp	Pro	Thr	Thr	Ala	Trp	Phe	Asp	Glu	Ser	Asp	
				260					265					270			
45	Gln	Thr	Trp	Arg	Thr	Val	Ile	Gly	Ser	Lys	Asp	Asn	Asn	Xaa	His	Ala	
			275					280					285				
	Gly	Xaa	Xaa	Met	Val	Tyr	Lys	Thr	Xaa	Asp	Phe	Leu	Asn	Xaa	Glu	Leu	
		290					295					300					
50	Ile	Xaa	Gly	Tyr	Leu	His	Arg	Val	Asp	Gly	Thr	Gly	Met	Trp	Glu	Cys	
	305					310					315					320	
	Ile	Asp	Phe	Tyr	Pro	Val	Gly	Gly	Lys	Asn	Gly	Ser	Glu	Glu	Leu	Tyr	
				325						330					335		
55	Val	Ile	Lys	Glu	Ser	Ser	Asp	Asp	Asp	Arg	His	Asp	Trp	Tyr	Thr	Leu	
				340					345					350			
	Gly	Lys	Tyr	Asp	Ala	Ala	Ala	Asn	Thr	Phe	Thr	Ala	Ala	Asp	Pro	Glu	
			355					360					365				
60	Asn	Asp	Leu	Gly	Ile	Gly	Leu	Arg	Tyr	Asp	Trp	Gly	Lys	Phe	Tyr	Ala	
		370					375					380					
	Ser	Lys	Thr	Xaa	Tyr	Asp	Pro	Ala	Lys	Asn	Arg	Arg	Val	Leu	Trp	Gly	
	385					390					395					400	
65	Trp	Ile	Gly	Glu	Thr	Asp	Ser	Glu	Arg	Ala	Asp	Val	Ala	Lys	Gly	Trp	
				405						410					415		

ES 2 338 864 T3

Ala Ser Leu Met Ser Ile Pro Arg Thr Val Glu Leu Asp Glu Lys Thr
 420 425 430
 Arg Xaa Asn Leu Ile Gln Trp Pro Val Xaa Glu Leu Glu Thr Leu Arg
 435 440 445
 Ile Lys Ser Thr Asp Leu Gly Gly Val Thr Ile Asp His Gly Ser Val
 450 455 460
 Tyr Pro Leu Pro Leu His Arg Ala Thr Gln Leu Asp Ile Glu Ala Ser
 465 470 475 480
 Phe Arg Ile Asp Thr Ala Thr Val Xaa Ala Leu Asn Glu Ala Asp Val
 485 490 495
 Gly Tyr Asn Cys Ser Thr Ser Gly Gly Ser Ala Asn Arg Gly Ala Leu
 500 505 510
 Gly Pro Phe Gly Leu Leu Val Leu Ala Asp Gly Lys Ala Glu Gln Thr
 515 520 525
 Ala Val Tyr Phe Tyr Val Ala Lys Gly Leu Asp Gly Thr Leu Gln Thr
 530 535 540
 His Phe Cys His Asp Glu Ser Arg Ser Thr
 545 550

<210> 11

<211> 4820

<212> ADN

<213> *Lolium perenne*

<220>

<221> misc_feature

<222> (1903)..(1903)

<223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (4023)..(4028)

<223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (4286)..(4286)

<223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (4448)..(4448)

<223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (4466)..(4466)

<223> Cualquier nucleótido

<220>

<221> misc_feature

<222> (4468)..(4468)

<223> Cualquier nucleótido

ES 2 338 864 T3

<220>

<221> misc_feature

<222> (4684)..(4684)

5 <223> Cualquier nucleótido

<400> 11

10	ggatccagat	gtgtagcagc	attattgtcc	tacagtactt	aattaactct	tatgtggacc	60
	tttccagttt	gataattccg	gctcatgtgg	agtatcagcg	gtcgtgatag	gagatcccaa	120
	aagcaaccaa	tggccaaatc	tcttggggcc	caaattcttg	ccattagtgt	actaaactag	180
	gcaccttgtg	gtatagagtc	caaatgatgg	agaaccgtcc	tttataaaaa	aaaaccccac	240
	atgtcctgcg	tcattcccaa	taattgtgcc	acggcagcat	gaacttcgca	tgtgcgtaac	300
15	aaagatcagc	ggacaacggc	aatatcgcaa	gctccatgcc	tcacgcgatt	gctccgtttt	360
	gtagagtaac	gagtgttaaa	attgattgat	ggtgctttat	tcacgcgatg	taacaatgtt	420
	ggtaaatcca	tatttttttg	gtaaaaaaa	aaagtgcctc	aatagcatga	aacacatgta	480
	tgtcttttct	atgagctata	tatatacctt	gtggtaagcc	ctccgttggg	ttgtttcaaa	540
	ctaaaacaaa	aaacttgctg	tagcagttca	gtaagaaaac	tgaatttctg	aaccagtttt	600
20	cagtttttctg	aatctgttcc	atatagtgtt	atccacgtcg	agltttgggc	ttttatatat	660
	acatctacaa	atgtgtgcta	caattacatg	tgtacttttt	gaataggctg	attgtgaatg	720
	ctttggcaag	cacctctaaa	aaattagatt	agaaggcaac	cccgttacag	tacaccctca	780
	ttgttggtcg	tcgacctatt	atctccctac	ggcctcttgt	accgtctata	gaacggtcmc	840
25	atttgacatc	tacaaattca	cctttgtaat	cagacactat	atcattctta	aagattcaat	900
	ggtaacgctc	aaggggcaatc	aatttcaacc	gcaacgaact	cggacggttt	gctgatgatg	960
	acctcttctc	cggcctctag	gattctcccc	gaccataagt	tgatgctttc	aaacaaccag	1020
	ctgggtcgac	aacacccatt	gctagagaga	cactatatgt	tttgtttccc	agctaattta	1080
	ctgcacggca	actatctgta	ctggatttcc	tgtgggtata	tatagtagta	tttcttcaat	1140
30	taatggcatt	tgaaaaaata	atagtgtttg	tgaggcttga	agcacatata	ggatggagaa	1200
	gagagtgtgt	ccacaaatat	agatctactg	ctacctcgcc	caccttagta	agt aagtaga	1260
	gtgatggaat	cagctgagcg	agcccgctcca	gagctgggat	atgcgatctc	acatggccaa	1320
	tgtcggcctt	ctccgtcgct	gaccgctggg	ccccacgagc	cagacgtgtc	cgtgctggcg	1380
35	caccttgcca	ttttaatctt	tagcgcgata	aacggacggg	agcgtctgac	ggagacgcgt	1440
	acgtacgtac	gtacaggctg	ttcaaaaacta	gtctatttga	cgcaacgggc	caaaaacccct	1500
	gcgaaaaccc	ctgctataaa	tcgcgcgcgc	tcgctcctcc	gtccatccat	ccatccaccg	1560
	ccagatccag	acttctctcg	aacctatcgac	cgggcgcgcg	ccgacgcgac	gcgagcccat	1620
	ggagtcccca	cgcctcgctg	tccccggcac	cacggcgccg	ctgcttccct	atgctgacgc	1680
40	gcccgtgccg	tcgtccgcgc	acgacgcgcg	tcaaaaaccgg	agtggcgggg	ggtggcgcg	1740
	gtgcgcgcgc	gtgctggccg	catcggcgtt	ggcgggtggt	gtcgtggtcg	ggctcctcgc	1800
	gggcggcagg	gtggatcggg	tccccggccg	cggagacgtg	gcgtcgccca	cgggtgccggc	1860
	cgtgccgatg	gagttcccga	ggagccgggg	caaggacttc	ggngtgcggg	agaagtcctc	1920
	cggtgccctac	tccaccgacg	gcgggttccc	gtggagcaac	gccatgctgc	agtggcagcg	1980
45	caccgggttc	catttccagc	cggagcagca	ctacatgaac	ggtacggsgc	atgcagttgt	2040
	tgtatctag	tagtgtttca	gattcagatt	tcgtttttcc	ccttgatctg	acgtacgtac	2100
	gtgggtctga	ttctgatacat	ggatcgttcc	aggaaaccag	ctaatacgatt	tcctgtttgt	2160
	ctgttgccgg	cggcgtattc	tgcagatccc	aacggccccg	tgtactacgg	cggatggtac	2220
50	cacctcttct	accagcacaa	ccccaaaggc	gacagctggg	gcaacatcgc	gtgggcccac	2280
	gccgtctcca	aggacatggt	caactggcgc	cacctccctc	tcgccatggt	tcccgaccag	2340
	tggtagcaca	gcaacggcgt	cctcaccggc	tccatcaccc	tgtccccga	cggccaggtc	2400
	atcctgctct	acaccggcaa	caccgacacc	ctagcccagg	tccagtgcct	cggcacgccc	2460
	gccgaccctg	ccgaccctgt	cctccgcgag	tgggtcaagc	accccgccaa	ccccatcctc	2520
55	taccttcccc	ccggcatcgg	cctcaaggac	ttcgcgcgac	ccctcacctg	ctggttcgac	2580
	cactccgacc	acacctggcg	caccgtcatc	ggctccaagg	acgacgacgg	ccaagccggc	2640
	atcatcctca	gctacaagac	caaggacttc	gtcaactacg	agctcatgcc	ggggaacatg	2700
	caccgcgggc	ccgacggcac	cggaatgtac	gagtgcatcg	acctctaccc	cgtcggcggc	2760
60	aactcgtccg	agatgctcgg	cggcgacgac	tgcgccggcg	tgtcttctgt	gctcaaggag	2820
	agcagcgacg	ccagcgcaca	cgactactac	gcgctcggaa	ggttcgacgc	cgtcgccaac	2880
	gtttggacgc	acgctcgacc	ggagctggac	cttgggatac	ggctcagata	cgactgggga	2940
	aagtactacg	cctccaagtc	cttctacgac	cagaagaaga	accgcccgat	cgtatgggca	3000
	tacatcggcg	agaccgactc	cggacaggcc	gacatcacca	agggatgggc	caatctcatg	3060
65	gtatgcactt	gtacaaatcc	acatcattct	tcttgtactt	agtattagta	ccttatttgc	3120
	atatatttctg	tcatttatcat	cctcatkqyt	ycatcgccgg	cataagcatg	gaggacgact	3180

ES 2 338 864 T3

```

5  agctaact attagacgga cgtcttctcg cttgttctt tcttgtttaa cggtcacctc 3240
   tcggttctac tgtaggcagg tcactatcgt aattagctgc tagctgcctt gttgacacac 3300
   atggtgtgcc cgtccctctt ggctctgcct gcctgcattg atgtgcattg cagtccttag 3360
   ttaaaatcgc agatctacca tcgactactc atatgcctag tglagttagt tgtcctttcc 3420
   cccagtatag aattttgctt tatttttgtt aatgcctatg gtaggtgctt gatgtgaaac 3480
   taatctttta tttacttacc gatcgggaca taggcgggct gaatttcaac ggcttgtttt 3540
   cttttggtca ctttcatcat tgatctcaca ctgcacctct caagtgtcca ttttcagtct 3600
   agtggaaaat tagctagcat tgcctccaaa tcgtactcat caacttggtt cttattaaat 3660
   tgtttatgtg aagactacga tatcttcttt gttcgtgccg ttgtttcttt aagagaattc 3720
   ggtggagggc gcagccctt tatattgatt acatagacaa gagtagtgtt ttgcagtcaa 3780
10 gttaaataat tgattcatta taacggtaaa tgtatcatcg tgtgtgcaga cgattccaag 3840
   aacggtggag cttgacagga agaccgcac aaacctcatc caatggccag tggaggagg 3900
   cgacaacctc cgcaggaaat ccacggacct cggctgcata accgtcaacg ccggtctcgt 3960
   cattcgctc cccctccacc agggcgctca actcgacatc gaggcctcct tccaactcaa 4020
   ctcttcnnc gtggatgcta tcaacgaggc cgacgtcggc tacaactgca gcaccagtgg 4080
   tgcgcgcgta cgggggggcg tcggccctt tggcctctc gtccttgcca acggcgcac 4140
15 cgaacagacg gctgtgtact tctacgtgtc caaggcgctc gacggtgcc tccagaccca 4200
   cttttgccac gacgagtcac ggtcaacgag ggcaaggat gtcgtgaata gratgattgg 4260
   cagcatcgtg ccggtgcttg acggttagac cttttcgtg agggtgctag tggaccactc 4320
   catcgtgcag agcttcgcga tgggcgggag gatcacggcg acgtcggcg cgtaccgcac 4380
   ggaggccatc tacgcggccg cgggggtcta cctcttcaac aacgccacg gcgccaccg 4440
   caccgcenag aggtcgtcg tgcacnanat ggctcagct gacaaccata tcttcacgaa 4500
20 cgacgacttg tagatgaaac caagtttagc tcgtgttgca ttcttgttaa cggccgggtga 4560
   ttgcctatct acacattcat ttggcgctcg attgggtggg tcttgcattc tgtcatggat 4620
   ggggategta caatagtctt tgatttgggt tttttttt tctcggggtg atgtatgaaa 4680
   ttanatgact gtctaccctc caagtcgtaa ctatctgcag gagcccttct gcagtgacta 4740
   tgatgacagt gtcactctat aactgtatca gattacttaa tttccaaagg gggtttctt 4800
25 ttaatcgagt catgggatcc 4820

```

<210> 12

<211> 653

<212> PRT

30 <213> *Lolium perenne*

<220>

35 <221> MISC_FEATURE

<222> (493)..(493)

<223> Cualquier amino ácido

<220>

40 <221> MISC_FEATURE

<222> (579)..(579)

<223> Cualquier amino ácido

<220>

45 <221> MISC_FEATURE

<222> (633)..(633)

50 <223> Cualquier amino ácido

<220>

55 <221> MISC_FEATURE

<222> (639)..(639)

<223> Cualquier amino ácido

<400> 12

60 **Met Glu Ser Pro Ser Ala Val Val Pro Gly Thr Thr Ala Pro Leu Leu**
1 5 10 15

65 **Pro Tyr Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Ser Ser Ala Asp Asp Ala Arg Gln**
20 25 30

ES 2 338 864 T3

	Asn	Arg	Ser	Gly	Gly	Arg	Trp	Arg	Ala	Cys	Ala	Ala	Val	Leu	Ala	Ala	
			35					40					45				
5	Ser	Ala	Leu	Ala	Val	Val	Val	Val	Val	Gly	Leu	Leu	Ala	Gly	Gly	Arg	
		50					55					60					
	Val	Asp	Arg	Val	Pro	Ala	Gly	Gly	Asp	Val	Ala	Ser	Ala	Thr	Val	Pro	
	65					70					75					80	
10	Ala	Val	Pro	Met	Glu	Phe	Pro	Arg	Ser	Arg	Gly	Lys	Asp	Phe	Gly	Val	
					85					90					95		
	Ser	Glu	Lys	Ser	Ser	Gly	Ala	Tyr	Ser	Thr	Asp	Gly	Gly	Phe	Pro	Trp	
				100					105					110			
15	Ser	Asn	Ala	Met	Leu	Gln	Trp	Gln	Arg	Thr	Gly	Phe	His	Phe	Gln	Pro	
			115					120					125				
	Glu	Gln	His	Tyr	Met	Asn	Asp	Pro	Asn	Gly	Pro	Val	Tyr	Tyr	Gly	Gly	
20		130					135					140					
	Trp	Tyr	His	Leu	Phe	Tyr	Gln	His	Asn	Pro	Lys	Gly	Asp	Ser	Trp	Gly	
	145					150					155					160	
25	Asn	Ile	Ala	Trp	Ala	His	Ala	Val	Ser	Lys	Asp	Met	Val	Asn	Trp	Arg	
					165					170					175		
	His	Leu	Pro	Leu	Ala	Met	Val	Pro	Asp	Gln	Trp	Tyr	Asp	Ser	Asn	Gly	
				180					185					190			
30	Val	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Thr	Val	Leu	Pro	Asp	Gly	Gln	Val	Ile	Leu	
			195					200					205				
	Leu	Tyr	Thr	Gly	Asn	Thr	Asp	Thr	Leu	Ala	Gln	Val	Gln	Cys	Leu	Ala	
		210					215					220					
35	Thr	Pro	Ala	Asp	Pro	Ser	Asp	Pro	Leu	Leu	Arg	Glu	Trp	Val	Lys	His	
	225					230					235					240	
	Pro	Ala	Asn	Pro	Ile	Leu	Tyr	Pro	Pro	Pro	Gly	Ile	Gly	Leu	Lys	Asp	
40					245					250					255		
	Phe	Arg	Asp	Pro	Leu	Thr	Ala	Trp	Phe	Asp	His	Ser	Asp	His	Thr	Trp	
				260					265					270			
45	Arg	Thr	Val	Ile	Gly	Ser	Lys	Asp	Asp	Asp	Gly	His	Ala	Gly	Ile	Ile	
			275					280					285				
	Leu	Ser	Tyr	Lys	Thr	Lys	Asp	Phe	Val	Asn	Tyr	Glu	Leu	Met	Pro	Gly	
		290					295					300					
50	Asn	Met	His	Arg	Gly	Pro	Asp	Gly	Thr	Gly	Met	Tyr	Glu	Cys	Ile	Asp	
	305					310					315					320	
	Leu	Tyr	Pro	Val	Gly	Gly	Asn	Ser	Ser	Glu	Met	Leu	Gly	Gly	Asp	Asp	
					325					330					335		
55	Ser	Pro	Gly	Val	Leu	Phe	Val	Leu	Lys	Glu	Ser	Ser	Asp	Asp	Glu	Arg	
				340					345					350			

ES 2 338 864 T3

5 His Asp Tyr Tyr Ala Leu Gly Arg Phe Asp Ala Val Ala Asn Val Trp
 355 360 365
 Thr Pro Ile Asp Arg Glu Leu Asp Leu Gly Ile Gly Leu Arg Tyr Asp
 370 375 380
 Trp Gly Lys Tyr Tyr Ala Ser Lys Ser Phe Tyr Asp Gln Lys Lys Asn
 385 390 395 400
 10 Arg Arg Ile Val Trp Ala Tyr Ile Gly Glu Thr Asp Ser Glu Gln Ala
 405 410 415
 Asp Ile Thr Lys Gly Trp Ala Asn Leu Met Thr Ile Pro Arg Thr Val
 420 425 430
 Glu Leu Asp Arg Lys Thr Arg Thr Asn Leu Ile Gln Trp Pro Val Glu
 435 440 445
 15 Glu Val Asp Thr Leu Arg Arg Asn Ser Thr Asp Leu Gly Arg Ile Thr
 450 455 460
 Val Asn Ala Gly Ser Val Ile Arg Leu Pro Leu His Gln Gly Ala Gln
 465 470 475 480
 20 Leu Asp Ile Glu Ala Ser Phe Gln Leu Asn Ser Ser Xaa Val Asp Ala
 485 490 495
 Ile Asn Glu Ala Asp Val Gly Tyr Asn Cys Ser Thr Ser Gly Ala Ala
 500 505 510
 25 Val Arg Gly Ala Leu Gly Pro Phe Gly Leu Leu Val Leu Ala Asn Gly
 515 520 525
 Arg Thr Glu Gln Thr Ala Val Tyr Phe Tyr Val Ser Lys Gly Val Asp
 530 535 540
 30 Gly Ala Leu Gln Thr His Phe Cys His Asp Glu Ser Arg Ser Thr Arg
 545 550 555 560
 Ala Lys Asp Val Val Asn Arg Met Ile Gly Ser Ile Val Pro Val Leu
 565 570 575
 35 Asp Gly Xaa Thr Phe Ser Val Arg Val Leu Val Asp His Ser Ile Val
 580 585 590
 Gln Ser Phe Ala Met Gly Gly Arg Ile Thr Ala Thr Ser Arg Ala Tyr
 595 600 605
 40 Pro Thr Glu Ala Ile Tyr Ala Ala Ala Gly Val Tyr Leu Phe Asn Asn
 610 615 620
 Ala Thr Gly Ala Thr Val Thr Ala Xaa Arg Leu Val Val His Xaa Met
 625 630 635 640
 45 Ala Ser Ala Asp Asn His Ile Phe Thr Asn Asp Asp Leu
 645 650

<210> 13

<211> 7551

<212> ADN

<213> *Lolium perenne*

<220>

<221> misc_feature

<222> (6782)..(6782)

<223> Cualquier nucleótido

ES 2 338 864 T3

<400> 13

5	ggatccggag	ctgacggcgg	ggtggaagg	agagaagcga	tcgatacttt	caccgcggtg	60
	ctagggttttc	gcctccacca	tgcgaaacaa	gcgatgtgca	ggatcaaaat	gtaaaatcga	120
	tcggacgatg	gagaggttga	ggtgaaacaa	ggccagtgtc	ctgcccgtgc	gtgccaggag	180
	tctatcatgg	atagaatgag	agggcgcccc	gggtgtcgct	cttgccttgtt	ctaatttagc	240
	cacctgttca	ccttttgttt	ttctcattgc	atggttggaa	ttcatgatta	atttcaactat	300
	cagttacagt	tttggtttatc	taataatttt	atgaaacccc	atatctatag	acggcttcat	360
10	caaggttgtg	gtgtgcgtta	tcaaggttcc	attacttttc	cccaaaaaaa	aaggttccat	420
	tgcgttgtta	tattcatgtt	ttggaccggg	tcgtaattca	atactcgaat	gaccattagt	480
	ccatcgatta	ccagatttca	tgaaggaggt	taaatgaagc	agtatacata	catgcatgta	540
	ttttactata	tatacagttg	tattttacta	tatactat	gtaataggga	ctttatgcgc	600
	acgtgtccct	cttgatgggt	aattcacacc	gcaatcaaat	ttactgagat	ggcagcttgt	660
15	agtaccctga	ctgacattac	atgaatgcga	tggccggcca	gtcctctacc	ttcttgtttt	720
	tgcaccttgg	cccgggtccc	arcattgtac	gatgtgttcg	tgtcggacaa	tcacaatgca	780
	tgcattgtct	tttggggaca	tccgatacga	tacagggtacc	agaagaatgc	atgtctagtc	840
	ttgacgggtc	acactkrcat	ccgatatgtt	cgtttgttga	cgtaatatct	ctgaaatata	900
	ttttttcagt	atattattta	tgaattttgg	ttaataaaat	tccgggattt	acaccgaatt	960
20	aatgtcatgg	tgttgacagt	caagcatgca	tatatcccg	cttgatgggt	cacactgagg	1020
	ccgggtccac	aaaccagcca	aggcatcgcc	caactataaa	tcacgctcgc	tcctcaagag	1080
	tgagatcgtc	catccatcaa	ctttcctcta	ttttttcgaa	cacgatgaag	tcacgcgcca	1140
	ccccgcctcg	tctgatccag	tgcgtgtcgc	tgcacctcca	ccgtactagc	ggcggcgcca	1200
	cgaggtggcg	cgcggtgcaca	accacgctgc	tggccgtggg	cgtgctcgcc	cacgcgctcg	1260
25	caggggcccg	cgaataaatg	gcgtggtggc	tccgcccggg	gaaggggcg	gatgggttcc	1320
	cgtggaccag	cgcgatgctg	cagtggcagc	gcaccgggtt	ccatttccag	cccagagaag	1380
	attttatgag	cggtagtaga	ggagtagttg	attatatttt	tttctctggc	aatctgtacg	1440
	tgcagaaact	gactgactga	ctggctttct	tgtttgtttg	ctcgtggcag	atcccagcgg	1500
	ttagtacgta	catcactttc	tttgtttttg	ttgaactggg	aagtttatat	tgattagtaa	1560
30	caacatctta	cagagtatta	attaaggggg	gtgctggggg	tccccggcg	gattagaaat	1620
	ctaactccac	gggtccccaa	ccatccgatc	aacagatctg	gaacgttttc	ggcgtcaga	1680
	tcaaaccaac	cagccctctc	ttccactttt	ttccaatga	tgaaccaaa	tagcaaaaaa	1740
	cggttcaatt	gtagcaaaat	ctattttcac	ctaaaaaac	agacctcgcc	ggagatgtcg	1800
	ccggagacct	cgccggagaa	cttgtagcaa	aaaacatata	ctattatagc	taaaacctag	1860
35	aaacaaatgta	gcacaaacct	attccgccgg	atactcgacg	gagacatagt	agcaaaagaa	1920
	atatggtata	gtagcaagaa	aacaaaaata	ttgtagcaaa	ttttttttgc	tattgtagca	1980
	gaactatgat	tgtatgaaaa	tataattgta	gtaagacaaa	tttcgccaaa	aagaattgta	2040
	aacaacaatg	tatacataat	taacataaat	gccaaactaa	agtagcaaaa	acaatatatt	2100
	attgtagcat	cacgccccga	agcaaaaaac	cccaggagcc	gttggcagca	ggcggccgtt	2160
40	gacttgcagc	tagagggtag	gggggagagg	aggatgacsg	ccatggctgg	gcgtgcttgc	2220
	agtgggagga	ataggcgag	gaagtaggag	gcggctgccg	ccgcgcgtag	gggaggcgcc	2280
	acgcggagct	cgctatgagg	gctgacgacg	gagtcggcg	aggaggtcag	gggaggcgcc	2340
	cgggccgcgt	tgcagaggg	tgtcagaggc	agctcgcgga	ccttggcggt	gcggcgggcg	2400
	gcggctgctg	cagtgggggt	ggcggcagtg	gcgcgcgaca	gcagaatcgc	gtgtaggtgg	2460
45	tgcggggacg	ccgcccgtcg	cccggggatg	cagggctggg	gcgcgggacg	ccgcccgtag	2520
	tcgggatgca	ggggaggagg	cgagtgga	cgctatggag	gaagttgcgg	cggcacgcgc	2580
	ggtcagcggc	accgggcacg	tggcttgccc	ggcgggctgg	ctcgacgcgt	tgtgggttg	2640
	gcgggtggctc	gtggcagggc	gacgacggcg	gcgcgacagc	ctacctgtgc	ggttgctcga	2700
	tttggggatg	agattgaaac	cagaaaaaaa	gggatgaagg	ggaagacgat	aacgtgggtg	2760
50	ggtcccacgg	gacacgtggc	atcgggggga	atcggaggaa	tggagcgctg	atccccggg	2820
	ggttcggcag	cgtttcccat	taattaatg	acttgatgat	gcaggtccgg	tgtactaccg	2880
	tggatggtac	cacctattct	accaatacaa	cccggagggc	accgtggggg	ccaacatcac	2940
	gtggggccac	gccgtgtccc	gggatctcgt	ccactggcgc	cacctccctc	tcgccatgct	3000
	ccctgaccgg	tggtagcaca	tcaacggcgt	ttggaccggc	tccgccacca	tgtctcccaa	3060
55	cgggacgctc	acaatgctct	acacgggggtc	caccaatgcc	tctaccaggg	tccagtgctc	3120
	cgccgtcccc	gcaaacccca	acgactccct	cctccgcaac	tggacaaaag	acctgcca	3180
	ccccgtctct	ctcccgcccc	ccggcatcgg	cgataaggac	ttccgtgacc	ccaccacgc	3240

60

65

ES 2 338 864 T3

	ctgggtccac	aagtcagact	ccacctggca	categeccatc	gggtccaagg	atgaccaagg	3300
	ccactccggc	atcgccatca	cgtacaagac	caaagacttt	gttagctacg	agctcatccc	3360
	gggattcttg	catcgtgtcg	agagcaactg	catgtgggag	tgcggtgact	tctaccccgt	3420
5	cggcagccgc	gaccaagacg	ccgagaactc	gtcggaggag	ctgttgtacg	tgatgaaggc	3480
	gagcatggac	gaccaccggc	acgactgcta	cgcattgggg	aggtacgacg	ctgaggcaaa	3540
	catatggacg	ccggtggacc	ctgaggcgga	cgtggggatc	gggctgaggt	acgactgggg	3600
	aagggttttt	gcgtccaaaa	cgttctatga	tccggcgaag	cggcggcgcg	tgctgttggg	3660
	gtatgtcgcc	gaggccgact	ccgagttggc	cgacgtggcc	aagggatggg	cttgccctca	3720
	ggatctctta	tactatacat	cgtatgatt	gtgttttacc	ttgcattttg	catcaatagc	3780
10	tccatccttc	atttcggttac	tcatgttaga	ttgatacatc	agtgcacgcg	ctcttgggga	3840
	ttgaaatgct	atctgttgtt	atatacagtgc	atcatgcat	catacaatcc	atcttctctt	3900
	ttgtgcaata	caacctgctt	aaaatgttga	ttaatgcatg	gctgatggct	ttctgggaaa	3960
	acttgtttaat	caacattgtta	atataattcta	atgcgagaag	agaggaaactt	gtggctgcta	4020
	attagtcgtg	gatgggtgtcg	cagtcattgga	cagtagctag	ttgcactcgc	tccgtatggt	4080
15	cgcgtgggat	tttttttttt	taaaattgac	catcaatttg	atcaacaaaa	tatgagttat	4140
	attttacaaa	aattataccg	ttagaaactc	tttttaaata	tgaatccaat	gttatatttt	4200
	tttacagtat	tactcatata	tggttgacaa	aatttgtggg	cagagttttt	cttaaaatac	4260
	gtgcatgctt	tataaaacca	tacggaggta	gtacatcgct	acatcgacgt	ctcatcgttt	4320
	cagggtttcta	tcttttttct	tttgggaaaa	ttctttcttg	tttaacggcc	aataatagct	4380
	gcataatgca	tgataaatatt	tttttattaa	tcctcgtgga	aggtataggc	cggccgggtg	4440
20	aattttcaagg	gtacctttct	ttgatcaett	tcacatgctc	tttgcactct	ccaagaacca	4500
	atgagtgccc	atcaagtgctc	cattttccgc	gtaattccaa	atlaactagt	acgtgccacg	4560
	tatcgtgcgg	aaagcacgat	accagctatc	tacaaaccac	ctkratgtta	tggtgaatca	4620
	tgcatgtagt	caaaaaacta	gtacgtgcc	cgtcagtcgc	aottggaacc	atgtatttaa	4680
	ggctcagttt	gcggttecta	aactgtgcta	tgctggactt	atttttataat	catctctgaa	4740
	acaatagatt	gaccacaaga	tatcaggact	ttcttcttta	atctccctctt	tccttccctat	4800
25	ctgtttacgg	acatggctcg	gccgaogtgg	gactgaactc	tcaacctoga	gttttggaag	4860
	ttgcttatgt	aaagtgttcg	attcttttag	gctagccata	gtggtagtat	cttagctagt	4920
	atcatgcaca	ttggttccac	aaaaatactg	atgtggcagc	taattaaagg	ggakasatra	4980
	gakkmagya	tcataggtgg	ataccgtatc	atagcgcata	tcacgagaaa	agttaatgtc	5040
	aaacaaatct	tgtacatcaa	tttgcaattga	gattctaaat	agcaataaat	atagcataac	5100
	tatgatacta	cttcacata	ctacccacta	tagggataat	atcatacaca	agtatcatat	5160
30	gcatagatact	actatatgat	acttagcact	atggccagcc	ttatggaaat	tggtggagga	5220
	cgcacagccc	tttatthaatt	gaataacaat	aatttttatc	atgttttttt	ttcaagtcca	5280
	ttatgtcaat	gtgcattcat	aatcgatgga	cttacctcgc	ttgaattatt	gaactaacta	5340
	attaatggte	tatgacatgt	gtgcagtcga	ttccgaggac	ggtggegttg	gatgagaaga	5400
	cccgatgaa	tctcctccaa	tgccgggttg	aaggaaatcga	gaacctccgc	ctcaatacca	5460
35	tgcaccttg	caacatcacc	atcggcaccg	gtcccatctt	ccccctcccc	ctccggcaag	5520
	ccactcagct	cgacatggag	gcctccttcc	gcctagaacc	wtccgccata	gctgccttca	5580
	atgaggtcga	cgttagctac	aactgcagcg	ccagtggcgg	tgcccgctagc	cgtggcagcg	5640
	tgggccccct	cggcctecta	gtcctcacca	ccgcgcgacg	tcgcagcgaa	caaatggcag	5700
	tgtacttcta	cgtgtccaa	agcatcgacg	gcacgcctcca	gaccagcttc	tgccacgacg	5760
	agtcccgcct	gtctcggggc	tggyacgttg	tgaagcgggt	gggtgggcagc	accgtgccgg	5820
40	tgctccacgg	tgaggcttta	tctgtcaggg	tgctcgtgga	tcattcgatc	gtagagagct	5880
	tcgcgatggg	cgggagggtca	acggtgacgt	cgcgggtata	cccgacggag	gccatctacg	5940
	agggcggcag	ggcgtatggt	ttcaacaacg	ccaccggctc	cactgtcacc	gtcgagagac	6000
	tcggtgtgca	cgatatggac	tcggcattca	tcaataaaag	agaacaataa	ttttctgagc	6060
	ctagtatcca	catgatcatg	atatagttaag	ggaaaaatca	tatctataag	tttccgaact	6120
45	tagtgaaaaa	aaacctgtaa	aagatatgca	gtcatataca	catgtgaaat	taggtaggaa	6180
	aatatgataa	tctcgtagat	gaggaaaaaa	tattgtacac	caaactattg	taagtacacg	6240
	taatgtaatg	taaaaaaagt	ttttaagtta	cagaaggtac	ataccgcaaa	taactcatatt	6300
	atttttacaa	gatalttttt	tctggagtat	tcctttcaag	tatcttttat	ctctagaatc	6360
	ttctccaatc	atgagtgcca	accgaaatgg	agctcctgtg	ttgtctcccg	tgctccccc	6420
	cttttcggccc	cactgtcatt	gggtggacct	attctcacgg	cggctgtcct	gagaaacaaa	6480
50	aatagcagct	gaaatgaaga	cacggcgaca	cgcaagccag	catctctcat	tgaacctgcg	6540
	gagtgagata	gctctcgtgg	cgtcgtctta	cttgacgcgt	ttgtctcata	caacagcgca	6600
	tggctccttc	atgtcaggtc	catgatccac	agatgggtatg	attgggtttg	gaacattttt	6660
	tgggtttgtg	atatgtcgtg	gatacaaaeg	gaaatgtctg	aagcatgcat	ggatggggtt	6720
	ccctgctcat	gtactcaatg	ttgatggatc	tgaawccggg	ataggttttg	cttctgtctt	6780
55	gnattctctc	tcatggattt	tctccaatga	ttttttaatg	atttggttat	catggacttg	6840
	tgggttagtt	catggaatat	attttttgca	ttgggttgct	agatttatca	attttcatct	6900

ES 2 338 864 T3

```

gctgatagtc catatgaaca atgggttttg tacagatcga aattcaaat catgggtgtt 6960
ttgtaaaaaa tatcttttcc ttcccagttt ttctatgat ttataaatgc atgtatgctc 7020
atggaaccgg tggactgatg caggtatgca gattcgttgc aaacagaatt ggcttcacaa 7080
ttgcttagaa tttaggaag catggttccg agttgatgtc atttcttaga atctgatcta 7140
atgcatacaa gaaaagggtct actaaatttt ttgacgttcc aacaaggtag aatccaacgg 7200
ttggacgccc agttggttct ggtttttcag ttttggctac ctctaggcga tegtgtcttg 7260
tctcttcat ttttgttctt cgggggggtt cgggggggtt ttttgggtg cgggggtggg 7320
tgcggtagat ttgttggcga gcttagattt ttactgagt ttttctcttc tttagaattgt 7380
gagctacaac tgtttgttga ggtgcatagt tatcatgat cagttttgtg tttgggtcag 7440
ttcgggtaga gaacaagatg ccaggtgctc tatagcttct tcattttgag acattatggc 7500
tttgggtcga accccggtaa caaaaaaggg atgcataaaa acttgggac c 7551

```

<210> 14

<211> 653

<212> PRT

<213> *Lolium perenne*

<400> 14

```

Met Val Ala Asp Ser Gln Ala Cys Ile Tyr Pro Val Leu Met Val His
1          5          10          15

Thr Glu Ala Gly Pro Thr Asn Gln Pro Arg His Arg Pro Thr Ile Asn
20          25          30

His Ala Arg Ser Ser Arg Val Arg Ser Ser Ile His Gln Leu Ser Ser
35          40          45

Ile Phe Ser Asn Thr Met Lys Ser Arg Ala Thr Pro Pro Arg Leu Ile
50          55          60

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

Trp Arg Ala Cys Thr Thr Thr Val Leu Ala Val Gly Val Leu Ala His
85          90          95

Ala Leu Ala Gly Ala Gly Glu Ile Met Ala Trp Trp Leu Gly Ala Gly
100         105         110

Lys Gly Ala Asp Gly Phe Pro Trp Thr Ser Ala Met Leu Gln Trp Gln
115         120         125

Arg Thr Gly Phe His Phe Gln Pro Glu Lys Asn Phe Met Ser Asp Pro
130         135         140

Ser Gly Pro Val Tyr Tyr Arg Gly Trp Tyr His Leu Phe Tyr Gln Tyr
145         150         155         160

Asn Pro Glu Gly Thr Val Gly Ala Asn Ile Thr Trp Gly His Ala Val
165         170         175

Ser Arg Asp Leu Val His Trp Arg His Leu Pro Leu Ala Met Leu Pro
180         185         190

Asp Arg Trp Tyr Asp Ile Asn Gly Val Trp Thr Gly Ser Ala Thr Met
195         200         205

Leu Pro Asn Gly Thr Leu Thr Met Leu Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Ala
210         215         220

```

ES 2 338 864 T3

	Ser	Thr	Gln	Val	Gln	Cys	Leu	Ala	Val	Pro	Ala	Asn	Pro	Asn	Asp	Ser	225					230			235					240
5	Leu	Leu	Arg	Asn	Trp	Thr	Lys	His	Pro	Ala	Asn	Pro	Val	Leu	Leu	Pro					245			250					255	
	Pro	Pro	Gly	Ile	Gly	Asp	Lys	Asp	Phe	Arg	Asp	Pro	Thr	Thr	Ala	Trp					260			265					270	
10	Phe	His	Lys	Ser	Asp	Ser	Thr	Trp	His	Ile	Ala	Ile	Gly	Ser	Lys	Asp					275			280					285	
	Asp	His	Gly	His	Ser	Gly	Ile	Ala	Ile	Thr	Tyr	Lys	Thr	Lys	Asp	Phe					290			295					300	
15	Val	Ser	Tyr	Glu	Leu	Ile	Pro	Gly	Phe	Leu	His	Arg	Val	Glu	Ser	Thr					305			310					320	
	Gly	Met	Trp	Glu	Cys	Val	Asp	Phe	Tyr	Pro	Val	Gly	Ser	Arg	Asp	Gln					325			330					335	
20	Asp	Ala	Glu	Asn	Ser	Ser	Glu	Glu	Leu	Leu	Tyr	Val	Met	Lys	Ala	Ser					340			345					350	
	Met	Asp	Asp	His	Arg	His	Asp	Cys	Tyr	Ala	Leu	Gly	Arg	Tyr	Asp	Ala					355			360					365	
25	Glu	Ala	Asn	Ile	Trp	Thr	Pro	Val	Asp	Pro	Glu	Ala	Asp	Val	Gly	Ile					370			375					380	
	Gly	Leu	Arg	Tyr	Asp	Trp	Gly	Arg	Phe	Phe	Ala	Ser	Lys	Thr	Phe	Tyr					385			390					400	
	Asp	Pro	Ala	Lys	Arg	Arg	Val	Leu	Leu	Gly	Tyr	Val	Ala	Glu	Ala						405			410					415	
35	Asp	Ser	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Ala	Lys	Gly	Trp	Ala	Cys	Leu	Ser	Ile					420			425					430	
	Pro	Arg	Thr	Val	Ala	Leu	Asp	Glu	Lys	Thr	Arg	Met	Asn	Leu	Leu	Gln					435			440					445	
40	Trp	Pro	Val	Glu	Gly	Ile	Glu	Thr	Leu	Arg	Leu	Asn	Thr	Ile	Asp	Leu					450			455					460	
	Gly	Asn	Ile	Thr	Ile	Gly	Thr	Gly	Ser	Ile	Phe	Pro	Leu	Pro	Leu	Arg					465			470					475	
45	Gln	Ala	Thr	Gln	Leu	Asp	Met	Glu	Ala	Ser	Phe	Arg	Leu	Asp	Ala	Ser					485			490					495	
	Ala	Ile	Ala	Ala	Phe	Asn	Glu	Val	Asp	Val	Ser	Tyr	Asn	Cys	Ser	Thr					500			505					510	
50	Ser	Gly	Gly	Ala	Ala	Ser	Arg	Gly	Thr	Leu	Gly	Pro	Phe	Gly	Leu	Leu					515			520					525	
	Val	Leu	Thr	Thr	Ala	Asp	Ser	Arg	Ser	Glu	Gln	Met	Ala	Val	Tyr	Phe					530			535					540	

ES 2 338 864 T3

	Tyr	Val	Ser	Lys	Ser	Ile	Asp	Gly	Thr	Leu	Gln	Thr	Ser	Phe	Cys	His
	545					550					555					560
5	Asp	Glu	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Ala	Trp	Asp	Val	Val	Lys	Arg	Val	Val
					565					570					575	
10	Gly	Ser	Thr	Val	Pro	Val	Leu	His	Gly	Glu	Ala	Leu	Ser	Val	Arg	Val
				580					585					590		
15	Leu	Val	Asp	His	Ser	Ile	Val	Glu	Ser	Phe	Ala	Met	Gly	Gly	Arg	Ser
			595					600					605			
20	Thr	Val	Thr	Ser	Arg	Val	Tyr	Pro	Thr	Glu	Ala	Ile	Tyr	Glu	Ala	Ala
	610						615					620				
25	Arg	Ala	Tyr	Val	Phe	Asn	Asn	Ala	Thr	Gly	Ser	Thr	Val	Thr	Val	Glu
	625					630					635					640
30	Arg	Leu	Val	Val	His	Asp	Met	Asp	Ser	Ala	Phe	Ile	Lys			
					645					650						