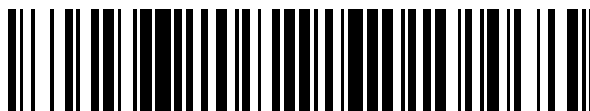


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 544 249**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C07K 14/415 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **13.12.2007** **E 07857537 (0)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **03.06.2015** **EP 2069504**

54 Título: **Plantas que tienen rasgos relacionados con un rendimiento de semilla mejorado y un procedimiento de producción de las mismas**

30 Prioridad:

15.12.2006 EP 06126279

03.01.2007 US 883168 P

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

28.08.2015

73 Titular/es:

CROPDESIGN N.V. (100.0%)

Technologiepark 21C

9052 Zwijnaarde, BE

72 Inventor/es:

SANZ MOLINERO, ANA ISABEL;

VANDESTEENE, LIES;

RAMON, MATTHEW;

ROLLAND, FILIP;

VAN DIJCK, PATRICK y

THEVELEIN, JOHAN

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 544 249 T3

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

DESCRIPCIÓN

Plantas que tienen rasgos relacionados con un rendimiento de semilla mejorado y un procedimiento de producción de las mismas

5 La cada vez mayor población mundial y la reducción del suministro de tierra cultivable disponible para combustibles agrícolas promueven la investigación hacia el aumento de la eficacia de la agricultura. Los medios convencionales para mejoras de los cultivos y de la horticultura usan técnicas de reproducción selectivas para identificar plantas que tienen características deseables. No obstante, dichas técnicas de reproducción selectivas tienen varios inconvenientes, a saber, que estas técnicas precisan normalmente una gran cantidad de mano de obra y dan como resultado plantas que, a menudo, contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre tienen como consecuencia que el rasgo deseado se transmita a partir de plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el germoplasma de animales y plantas. La ingeniería genética de plantas conlleva el aislamiento y la manipulación de material genético (normalmente en forma de ADN o ARN) y la subsiguiente introducción de ese material genético en una planta. Dicha tecnología tiene la capacidad de proporcionar cultivos o plantas que tienen diversos rasgos económicos, agronómicos u hortícolas mejorados.

15 Un rasgo de particular interés económico es el aumento del rendimiento. El rendimiento se define normalmente como el producto medible de valor económico de un cultivo. Este puede definirse en términos de cantidad y/o de calidad. El rendimiento depende directamente de diversos factores, por ejemplo el número y tamaño de los órganos, la arquitectura de la planta (por ejemplo, el número de ramas), la producción de semillas, la senescencia de las hojas y otros factores. El desarrollo de las raíces, la absorción de nutrientes, la tolerancia al estrés y el vigor temprano también pueden ser factores importantes para determinar el rendimiento. La optimización de los factores mencionados anteriormente puede contribuir, por lo tanto, a aumentar el rendimiento de cultivos.

25 El rendimiento de semillas es un rasgo particularmente importante, debido a que las semillas de muchas plantas son importantes para la nutrición humana y animal. Los cultivos tales como maíz, arroz, trigo, colza y soja representan más de la mitad del consumo calórico humano total, bien a través del consumo directo de las semillas mismas o bien a través del consumo de productos cárnicos de animales criados con semillas procesadas. También son fuente de azúcares, aceites y muchos tipos de metabolitos usados en procesos industriales. Las semillas contienen un embrión (la fuente de nuevos brotes y raíces) y un endosperma (la fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión durante la germinación y durante el crecimiento temprano de las plántulas). El desarrollo de una semilla implica muchos genes y requiere la transferencia de metabolitos desde las raíces, las hojas y el tronco a la semilla en crecimiento. El endosperma, en particular, asimila los precursores metabólicos de carbohidratos, aceites y proteínas y los sintetiza dando macromoléculas de almacenamiento para llenar el grano.

35 Otro rasgo importante para muchos cultivos es el vigor temprano. Mejorar el vigor temprano es un objetivo importante de programas de cultivo de arroz modernos en variedades de cultivo de arroz de climas templados y tropicales. Unas raíces largas son importantes para un anclaje apropiado al suelo en arroz sembrado en agua. Cuando el arroz se siembra directamente en campos anegados y cuando las plantas deben emerger rápidamente a través del agua, se asocian brotes más grandes con el vigor. Cuando se practica siembra con perforación, son importantes mesocotilos y coleóptilos más grandes para una buena emergencia de la plántula. La capacidad para lograr un vigor temprano en plantas sería de gran importancia en agricultura. Por ejemplo, un vigor temprano pobre ha sido una limitación a la introducción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) basados en germoplasma del Cinturón del Maíz en el Atlántico Europeo.

45 Otro rasgo importante es el de tolerancia mejorada al estrés abiótico. El estrés abiótico es una causa principal de pérdidas de cultivo a lo largo del mundo, reduciendo los rendimientos promedio para la mayor parte de las plantas de cultivo principales en más del 50 % (Wang y col., Plant (2003) 218: 1-14). El estrés abiótico puede venir provocado por sequía, salinidad, temperaturas extremas, toxicidad química y estrés oxidativo. La capacidad para mejorar la tolerancia de la planta al estrés abiótico sería una gran ventaja económica para agricultores de todo el mundo y permitiría el cultivo de plantas de cultivo en condiciones adversas y en territorios en los que el cultivo de plantas de cultivo no sería posible de otro modo. Otro rasgo de importancia relacionado con el rendimiento es la biomasa vegetal, en particular en el caso de cultivos para forraje, tales como alfalfa, maíz ensilado y heno. Una planta más grande con un área foliar más grande puede absorber normalmente más luz y más dióxido de carbono que una planta más pequeñas y, por lo tanto, ganará probablemente más peso durante el mismo periodo (Fasoula y Tollenaar 2005 Maydica 50:39).

55 La capacidad para aumentar el rendimiento de plantas tendría muchas aplicaciones en sectores tales como la agricultura, que incluyen la producción de plantas ornamentales, arboricultura, horticultura y silvicultura. El aumento del rendimiento también puede usarse en la producción de algas para su uso en biorreactores (para la producción biotecnológica de sustancias tales como productos farmacéuticos, anticuerpos o vacunas, o para la bioconversión de desechos orgánicos) y otros sectores de este tipo.

Los obtentores de plantas están a menudo interesados en mejorar aspectos específicos del rendimiento dependiendo del cultivo o de la planta en cuestión, y la parte de esa planta o cultivo que tiene valor económico. Por ejemplo, para determinados cultivos, o para determinados usos finales, un obtentor de plantas puede buscar

específicamente mejoras en la biomasa (peso) vegetal de una o más partes de una planta, que pueden incluir partes aéreas (recolectables) y/o partes subterráneas (recolectables). Esto es particularmente relevante cuando las partes aéreas o las partes subterráneas de una planta son para consumo. Para muchos cultivos, particularmente cereales, esto es una mejora en el rendimiento de semilla que es muy deseable. El rendimiento de semilla aumentado puede manifestarse por sí mismo de muchos modos, siendo cada aspecto individual de rendimiento de semilla de una importancia variable para un obtentor de plantas, dependiendo del cultivo o de la planta en cuestión y de su uso final.

Sería muy ventajoso para un obtentor de plantas ser capaz de elegir y seleccionar los aspectos de rendimiento o de rendimiento de semilla que se van a modificar. Sería muy deseable que fuera capaz de seleccionar, por así decirlo, un gen adecuado para alterar un aspecto particular, o componente, de rendimiento de semilla. Por ejemplo, un aumento de la tasa de llenado, en combinación con un peso de mil granos aumentado sería muy deseable para un cultivo tal como el maíz. Para arroz y trigo sería muy deseable una combinación de tasa de llenado aumentada, un índice de cosecha y peso de mil granos aumentados.

Se ha hallado que la modulación de la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de trehalosa fosfato fosfatasa (TPP) de clase III proporciona plantas que tienen diversos rasgos relacionados con el rendimiento aumentados.

La trehalosa, un disacárido no reductor que consiste en dos moléculas de glucosa unidas mediante enlaces alfa-1,1, se encuentra en diversos reinos de seres vivos. En bacterias, hongos e insectos, se ha demostrado que la trehalosa tiene una función de almacenamiento de carbohidratos y que tiene un papel en la tolerancia al estrés. En plantas, se pensó inicialmente que la trehalosa estaba confinada en extremófitos, tales como la planta de resurrección *Selaginella lepidophylla*, pero se acepta ahora que el metabolismo de trehalosa es omnipresente en el reino vegetal.

La trehalosa se sintetiza a partir de UDP-glucosa y glucosa-6-fosfato en dos reacciones enzimáticas. En una primera etapa, UDP-glucosa y glucosa-6-fosfato se convierten en UDP (uridina difosfato) y alfa,alfa-trehalosa 6-fosfato (T-6-P) por la enzima TPS, trehalosa fosfato sintasa. En una segunda etapa, que está catalizada por la enzima TPP (trehalosa fosfato fosfatasa), la T-6-P se desfosforila para producir trehalosa y ortofosfato.

En levaduras, las actividades enzimáticas (actividad de TPS y TPP) residen en complejos proteicos grandes, que contienen las subunidades activas, TPS1 y TPS2, y las subunidades reguladoras, teniendo TPS1 actividad de TPS y TPS2 de TPP. En *E. coli*, las dos actividades enzimáticas se encuentran en complejos proteicos separados. En plantas, el complejo proteico no se ha caracterizado hasta la fecha.

En *Arabidopsis thaliana*, se han clasificado enzimas biosintéticas de trehalosa en tres clases:

Clase I: que contiene cuatro genes, AtTPS1 a AtTPS4, que tienen una similitud elevada con ScTPS1;

Clase II: que tiene siete miembros, AtTPS5 a AtTPS11, con una similitud de secuencia elevada con ScTPS2; y

Clase III:, que contiene 10 miembros, AtTPPA a AtTPPJ, que codifican proteínas con similitud con TPS2 de *E. coli* y el extremo C-terminal de proteínas ScTPS2.

Los genes que codifican proteínas dentro de estas clases están también presentes en otras especies vegetales.

Dentro de la clase I y la clase II, la actividad enzimática solo se ha determinado de forma no ambigua para AtTPS1, que muestra actividad de TPS (Blazquez y col. Plant J. 1998 Mar; 13(5):685-9.). Sorprendentemente, no se ha informado de ninguna actividad de TPP hasta la fecha para ninguna de las otras proteínas TPS de clase II. Por el contrario, se ha descrito previamente la actividad de TPP para AtTPPA y AtTPPB, dos de los miembros de la clase III (Vogel y col. Plant J. 1998, marzo; 13(5):673-83). Las TPP de clase III vegetales contienen dos motivos de secuencia consenso de fosfatasa hallados en todas las enzimas TPP descritas hasta la fecha (Thaller y col. Protein Sci. 1998, julio; 7(7):1647-52).

Se ha informado que la manipulación genética de genes de biosíntesis de trehalosa produce una tolerancia al estrés mejorada en plantas, y que también provoca alteraciones del desarrollo llamativas. Se ha informado que la sobreexpresión de los genes de *E.coli* OtsA y OtsB en plantas transgénicas de tabaco y de patata provoca anomalías en el desarrollo de raíces y hojas y la atrofia de la planta. Se han producido pocas semillas en plantas de tabaco transgénicas con OtsA y las plantas de patata transgénicas con OtsB no produjeron tubérculos (Goddijn y col. Plant Physiol. 1997, enero; 113(1):181-90). Se han descrito resultados similares por parte de otros investigadores (Holmstrom y col. Nature, 379, 683-684; Romero y col. Planta, 201, 293-297; Pilon-Smits y col. 1998; J Plant Physiol. 152:525-532; Schlupepmann y col. Proc Natl Acad Sci USA. 2003;100(11):6849-54). Los mutantes carentes de genes TPS y TPP también han mostrado, supuestamente, defectos en el desarrollo. Los mutantes con TPS1 desactivado en *Arabidopsis* mostraron un desarrollo del embrión alterado (Eastmond y col. Plant J. 2002, enero; 29(2):225-35).

El documento US20040229364 divulga ácidos nucleicos que codifican, entre otras, trehalosa 6-fosfato fosfatasas. El documento no dice nada sobre rendimiento de semilla.

El documento WO97/42326 divulga que el flujo de carbono a través de la glicólisis puede estimularse aumentando el nivel intracelular de trehalosa 6-fosfato-fosfatasa.

El documento WO2006/060376 divulga la regulación a la baja de un gen de trehalosa 6-fosfato fosfatasa endógeno en maíz.

- 5 La solicitud de patente de Estados Unidos publicada US 20060191040, en nombre de Jackson y col. menciona el aislamiento y la caracterización de un gen de maíz, RAMOSA3 (RA3), que se ha informado que es responsable del desarrollo de meristemo y el desarrollo de inflorescencia que incluyen ramificación. Se ha sugerido que el gen, el producto génico y las regiones reguladoras pueden usarse para manipular la ramificación, el crecimiento de meristemo, el desarrollo y la disposición de inflorescencias y, por último, para mejorar el rendimiento de plantas.
- 10 Aunque la arquitectura alterada (debido a una cambio en la ramificación o un cambio en la estructura de las inflorescencias) puede contribuir en algunos casos a un aumento del rendimiento o a un aumento del rendimiento de semilla, esto no está totalmente claro. Se necesitaría la presencia de muchos otros componentes antes de poder realizar un aumento en el rendimiento o el rendimiento de semilla. Por ejemplo, sin producción de semilla, llenado de semilla, fertilidad de una planta, etc., no habría aumento en el rendimiento de semilla. Además, Jackson y col. no
- 15 mencionan que aspectos de rendimiento deben mejorarse, si la biomasa de partes específicas de una planta, rendimiento de semilla mejorado (que podría ser el tamaño de semilla, el número de semillas, el peso de mil granos, el índice de cosecha u otros parámetros relacionados con el rendimiento de semilla). Por lo tanto, ha sido sorprendente hallar que la expresión moduladora en una planta de un polinucleótido TPP de clase III proporciona plantas que tienen diversos rasgos relacionados con el rendimiento aumentados, particularmente un rendimiento de
- 20 semilla aumentado con respecto a plantas de control.

En consecuencia, la presente invención se refiere a un procedimiento de aumento del rendimiento de semilla en plantas con respecto a plantas de control, en el que dicho rendimiento de semilla aumentado es uno o más cualesquiera de los siguientes:

- (i) Número aumentado de semillas por planta;
- 25 (i) Número aumentado de semillas llenas por planta;
- (iii) Peso aumentado de las semillas por planta;

que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de trehalosa fosfato fosfatasa (TPP) de clase III, en el que dicha expresión aumentada se efectúa introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III, en el que dicho ácido nucleico codifica un

30 polipéptido TPP de clase III que tiene al menos el 85 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos SEC ID N°: 4, o

en el que dicho polipéptido TPP de clase III comprende:

- (i) un dominio de trehalosa-PPasa que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia de aminoácidos con la SEC ID N°: 93 o SEC ID N°: 94, en el que dicho dominio de trehalosa-PPasa comprende:
 - 35 a. una caja de fosfatasa A que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 96 y/o
 - b. una caja de fosfatasa B que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 97 y/o
- (ii) un dominio rico en serina que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 95, en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

40 Además, la presente invención se refiere a una molécula de ácido nucleico aislada que comprende:

- (i) un ácido nucleico de SEC ID N°: 3;
- (ii) el complemento de la SEC ID N° indicado en (i);
- (iii) un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III que tiene al menos el 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4,
- 45 (iv)

Además, la presente invención se refiere a un polipéptido aislado que comprende:

- (i) una secuencia de aminoácidos de SEC ID N° 4;
- (ii) una secuencia de aminoácidos que tiene al menos el 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4;

Además, la presente se refiere a un constructo que comprende:

- (a) un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III según la reivindicación 6; y
- (b) una o más secuencias de control capaces de controlar la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (a), en el que dicha, una, secuencia de control es un promotor GOS2; y
- (c) opcionalmente una secuencia de terminación de la transcripción.

Además, la presente invención se refiere al uso de dicho constructo en un procedimiento de producción de plantas que tienen un rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

- (i) Número aumentado de semillas por planta;

- (i) Número aumentado de semillas llenas por planta;

- (iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

- También se prevé una planta, parte de planta o célula vegetal transformada con dicho constructo, en la que dicho constructo está integrado en el genoma de la planta, parte de planta o célula vegetal.

Además, la presente invención se refiere a un procedimiento de producción de una planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

- (i) Número aumentado de semillas por planta;

- (i) Número aumentado de semillas llenas por planta;

- (iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

que comprende:

- (i) introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III según la reivindicación 1 o 6 y

- (ii) cultivar la célula vegetal en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.

- También se prevé una planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control, siendo dicho rendimiento de semilla aumentado el resultado de una expresión aumentada de un ácido nucleico introducido que codifica una proteína TPP de clase III tal como se define en la reivindicación 6, o una célula vegetal transgénica que puede obtenerse a partir de dicha planta transgénica, siendo dicha planta transgénica una planta de cultivo o una monocotiledónea o un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo o avena, o una célula vegetal transgénica derivada de dicha planta transgénica, en la que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

Además, la presente invención se refiere al uso de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III según la reivindicación 1 o 6 para aumentar el rendimiento de semilla en plantas con respecto a plantas de control cuando se introduce y se expresa en dichas plantas, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

- (i) Número aumentado de semillas por planta;

- (i) Número aumentado de semillas llenas por planta;

- (iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes con plantas sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

Cualquier referencia en adelante en el presente documento a una "proteína útil en los procedimientos de la invención" se toma de modo que signifique un polipéptido TPP de clase III tal como en las reivindicaciones. Cualquier referencia en adelante en el presente documento a un "ácido nucleico útil en los procedimientos de la invención" se toma de modo que signifique un ácido nucleico capaz de codificar dicho polipéptido TPP de clase III. Los términos "polipéptido" y "proteína" se usan indistintamente en el presente documento y se refieren a aminoácidos en una forma polimérica de cualquier longitud. Los términos y expresiones "polinucleótido(s)",

"secuencia(s) de ácidos nucleicos", "secuencia(s) de nucleótidos", "molécula(s) de polinucleótidos" se usan en el presente documento indistintamente y se refieren bien a ribonucleótidos o bien a desoxirribonucleótidos o a una combinación de los mismos, en una forma polimérica de cualquier longitud.

5 La elección de plantas de control adecuadas es una parte rutinaria de un montaje experimental y estas pueden incluir plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin el gen de interés. La planta de control es normalmente de la misma especie vegetal o incluso de la misma variedad que la planta que se va a evaluar. La planta de control también puede ser un nulicigoto de la planta que se va a evaluar. Una "planta de control", tal como se usa en el presente documento se refiere no solo a plantas completas, sino también a partes de plantas, incluidas semillas y partes de semillas.

10 Un procedimiento preferente para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína útil en los procedimientos de la invención es introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica una proteína útil en los procedimientos de la invención tal como se define más adelante.

15 El ácido nucleico que se va a introducir en una planta (y, por lo tanto, útil en la realización de los procedimientos de la invención) es cualquier ácido nucleico que codifique el tipo de proteína, que se describirá ahora, denominado también en el presente documento "ácido nucleico TPP de clase III" o "gen TPP de clase III" o un "polinucleótido TPP de clase III".

Un "polipéptido TPP de clase III", tal como se divulga en el presente documento, se refiere a cualquier polipéptido con actividad de trehalosa-6-fosfato fosfatasa que comprende al menos un dominio de trehalosa-fosfatasa (trehalosa-PPasa).

20 Los dominios de trehalosa-PPasa tienen normalmente entre 200 y 250 aminoácidos de longitud y comprenden normalmente un motivo de secuencia consenso de fosfatasa que se encuentra en todas las enzimas TTP descritas hasta la fecha (Thaller y col. 1998). Una secuencia consenso representativa para el dominio de trehalosa-PPasa se proporciona en SEC ID N°: 93. La secuencia de aminoácidos para el dominio de trehalosa-PPasa comprendida en SEC ID N°: 2 se proporciona en SEC ID N°: 94. Un experto en la técnica será capaz fácilmente de identificar la presencia de un dominio de trehalosa-PPasa usando herramientas y técnicas conocidas en la técnica. Los ejemplos 2, 3 y 4 del presente documento proporcionan detalles adicionales con respecto a la identificación de un dominio de trehalosa-PPasa. En polipéptidos TPP de clase III, este motivo de secuencia de consenso de fosfatasa comprende normalmente dos cajas de fosfatasa, denominadas caja de fosfatasa A y B. La SEC ID N°: 96 representa una secuencia consenso para la caja A de fosfatasa y la SEC ID N°: 97 representa una secuencia consenso para la caja B de fosfatasa.

35 Los ácidos nucleicos útiles en los procedimientos de la invención codifican polipéptidos TPP de clase III que comprenden al menos un dominio de trehalosa-PPasa, dominio que tiene preferentemente, en orden creciente de preferencia, al menos el 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o el 98 % o más de identidad de secuencia de aminoácidos con bien SEC ID N°: 93 o bien SEC ID N°: 94. Más preferentemente, el dominio de trehalosa-PPasa comprende al menos una (preferentemente dos) caja(s) de fosfatasa que tienen, en orden creciente de preferencia, al menos el 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o el 98 % o más de identidad de secuencia de aminoácidos con bien SEC ID N°: 96 o bien SEC ID N°: 97.

40 Los polipéptidos TPP de clase III también pueden comprender una región rica en serina, ubicada normalmente en el extremo N-terminal del dominio de trehalosa-PPasa. La SEC ID N°: 95 representa una secuencia consenso para el dominio rico en serina. Preferentemente, los ácidos nucleicos útiles en los procedimientos de la invención codifican polipéptidos TPP de clase III que comprenden un dominio rico en serina que tiene, en orden creciente de preferencia, al menos el 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % o el 98 % o más de identidad de secuencia de aminoácidos con SEC ID N°: 95.

45 Preferentemente, el ácido nucleico que se va a introducir en una planta codifica una proteína TPP de clase III que tiene, en orden creciente de preferencia, al menos el 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o el 100 % de identidad de secuencia con SEC ID N° 4. Del modo más preferente, el ácido nucleico TPP de clase III es el representado por SEC ID N° 3.

50 Normalmente, un polipéptido TPP de clase III, cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPP/TPS, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

Los ejemplos de proteínas útiles en los procedimientos de la invención y los ácidos nucleicos que codifican los mismos se proporcionan en el presente documento en la Tabla A del Ejemplo 1.

55 También son útiles en los procedimientos divulgados los homólogos de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1. "Homólogos" de una proteína abarca péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos con respecto a la proteína no modificada en cuestión y que tienen una actividad biológica y funcional similar a la de la proteína sin modificar de la que se derivan.

Una delección se refiere a la eliminación de uno o más aminoácidos de la proteína.

Una inserción se refiere a la introducción de uno o más residuos de aminoácidos en un sitio predeterminado de una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones N-terminales y/o C-terminales, así como inserciones intrasecuenciales de uno o de múltiples aminoácidos. En general, las inserciones dentro de la secuencia de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones N- o C-terminales, del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Los ejemplos de proteínas o péptidos de fusión N- o C-terminales incluyen el dominio de unión o el dominio de activación de un activador transcripcional tal como se usa en el sistema de dos híbridos de levadura, proteínas de recubrimiento de fagos, cola de (histidina)-6, cola de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo Tag•100, epítipo cmc, epítipo FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítipo HA, epítipo de proteína C y epítipo VSV.

Una sustitución se refiere al reemplazo de aminoácidos de la proteína por otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tales como hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensión similar a formar o romper estructuras α -helicoidales o estructuras β -laminares). Las sustituciones de aminoácidos son normalmente de un solo residuo, pero pueden agruparse en función de las restricciones funcionales dispuestas en el polipéptido; las inserciones serán habitualmente del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos de aminoácidos. Las sustituciones de aminoácidos son preferentemente sustituciones de aminoácidos conservativas. Las tablas de sustitución conservativa son bien conocidas en la técnica (véase, por ejemplo, Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman y compañía y la Tabla 1 siguiente).

Tabla 1: Ejemplos de sustituciones aminoácidos conservadas

Residuo	Sustituciones conservativas	Residuo	Sustituciones conservativas
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu; Val		

Las sustituciones, delecciones y/o inserciones de aminoácidos pueden realizarse fácilmente usando técnicas de síntesis de péptidos bien conocidas en la técnica, tales como síntesis de péptidos en fase sólida y similares, o mediante manipulación de ADN recombinante. Los procedimientos de manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o delección de una proteína son bien conocidos en la técnica. Por ejemplo, las técnicas de producción de mutaciones de sustitución en sitios predeterminados del ADN son bien conocidas por los expertos en la técnica e incluyen mutagénesis M13, mutagénesis in vitro de gen T7 (USB, Cleveland, OH, Estados Unidos), mutagénesis dirigida al sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA, Estados Unidos), mutagénesis dirigida al sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagénesis dirigida al sitio.

También son útiles en los procedimientos de la invención derivados de uno cualquiera de los polipéptidos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1 o ortólogos o parálogos de cualquiera de los polipéptidos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1 o derivados de cualesquiera ortólogos o parálogos proporcionados en la Tabla A. "Derivados" incluye péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de la forma de origen natural de la proteína, tal como la presentada en SEC ID N°: 2, comprender sustituciones de aminoácidos por residuos de aminoácidos de origen no natural, o adiciones de residuos de aminoácidos de origen no natural. Los derivados de los polipéptidos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1 son otros ejemplos que pueden ser adecuados para su uso en los procedimientos de la invención. Los derivados útiles en los procedimientos de la presente invención tienen preferentemente una actividad biológica y funcional similar a la de la proteína sin modificar de la que se derivan.

Los "derivados" de un polipéptido incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que pueden, en comparación con la secuencia de aminoácidos de la forma de origen natural de la proteína, tal como la proteína de interés, comprender sustituciones de aminoácidos por residuos de aminoácidos de origen no natural, o adiciones de residuos de aminoácidos de origen no natural. Los "derivados" de una proteína también abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos que comprenden residuos de aminoácidos de origen natural modificados (glicosilados, acilados, prenilados, fosforilados, miristoilados, sulfatados, etc.) o de origen no natural modificados en comparación con la secuencia de aminoácidos de una forma de origen natural del polipéptido. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes o adiciones no aminoácidas en comparación con la secuencia de aminoácidos de la que se deriva, por ejemplo una molécula comunicadora u otro ligando, unido covalentemente o no covalentemente a la

secuencia de aminoácidos, tal como una molécula comunicadora que se une para facilitar su detección, y residuos de aminoácidos de origen no natural con respecto a la secuencia de aminoácidos de una proteína de origen natural. Además, los "derivados también incluyen fusiones de la forma de origen natural de la proteína con péptidos de etiquetado tales como FLAG, HIS6 o tiorredoxina (para una revisión de los péptidos de etiquetado véase Terpe, Appl. Microbiol. Biotechnol. 60, 523-533, 2003).

La invención se ilustra mediante la transformación de plantas con la secuencia de ácidos nucleicos de *Arabidopsis thaliana* representada por SEC ID N°: 1, que codifica la secuencia de polipéptidos SEC ID N°: 2; no obstante, la realización de la invención no está restringida a estas secuencias. Los procedimientos de la invención pueden realizarse ventajosamente usando cualquier ácido nucleico que codifica una proteína útil en los procedimientos de la invención tal como se define en el presente documento, incluidos ácidos nucleicos que codifican ortólogos, parálogos y homólogos de SEC ID N°: 2, tal como (pero sin limitación) cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

Las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1 son ejemplos de ortólogos y parálogos del polipéptido TPP de clase III representada por SEC ID N°: 2, y los ácidos nucleicos que codifican el mismo son útiles en los procedimientos de la invención. Los ortólogos y parálogos abarcan conceptos evolutivos usados para describir la relación ancestral de genes. Los parálogos son genes dentro de la misma especie que se han originado mediante duplicación de un gen ancestral y los ortólogos son genes de organismos diferentes que se han originado mediante especiación y que también se derivan de un gen ancestral común.

Los orgólogos y los parálogos pueden encontrarse fácilmente realizando una búsqueda blast denominada recíproca. Normalmente, esto implica un primer BLAST que implica someter a BLAST una secuencia de consulta (por ejemplo usando cualquiera de las secuencias enumeradas en la Tabla A del Ejemplo 1) frente a cualquier base de datos de secuencias, tal como la base de datos NCBI disponible públicamente. BLASTN o TBLASTX (usando valores por defecto estándar) se usan generalmente cuando se comienza a partir de una secuencia de nucleótidos y BLASTP o TBLASTN (usando valores por defecto estándar) cuando se comienza a partir de una secuencia de proteína. Los resultados de BLAST pueden, opcionalmente, filtrarse. Después, las secuencias de longitud completa bien de resultados filtrados o bien de resultados sin filtrar se vuelven a someter a BLAST (segundo BLAST) frente a secuencias del organismo del que se deriva la secuencia de consulta (siendo la secuencia de consulta SEC ID N°: 1 o SEC ID N°: 2, siendo el segundo BLAST, por lo tanto, frente a secuencias de *Arabidopsis thaliana*). Después, los resultados del primer y del segundo BLAST se comparan. Se identifica un parálogo si un acierto de alta clasificación del primer blast es de la misma especie de la que se deriva la secuencia de consulta, después un nuevo BLAST da como resultado, de forma ideal, la secuencia de consulta entre el mayor acierto; se identifica un ortólogo si un acierto de alta clasificación en el primer blast no es de la misma especie de la que se deriva la secuencia de consulta y, preferentemente, estando los resultados después de un nuevo BLAST en la secuencia de consulta entre los mayores aciertos.

Los aciertos de alta clasificación son los que tienen un valor de E bajo. Cuando menor sea el valor de E, más significativa será la clasificación (o, en otras palabras, menor es la posibilidad de que se encuentre el acierto casualmente). El cálculo del valor de E es bien conocido en la técnica. Además de valores de E, las comparaciones también se clasifican por el porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad de secuencia se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipéptidos) comparadas a lo largo de una longitud particular. En el caso de familias grandes, puede usarse ClustalW, seguido por un árbol de unión del vecino, para ayudar a visualizar el agrupamiento de genes relacionados y para identificar ortólogo y parálogos.

La Tabla A del Ejemplo 1 proporciona ortólogos y parálogos de proteína TPP de clase III representada por SEC ID N° 2. Pueden identificarse fácilmente otros ortólogos y parálogos usando el procedimiento BLAST descrito anteriormente.

Las proteínas de la divulgación se pueden identificar mediante la presencia del o de los dominio(s) de trehalosa PPasa conservados (mostradas en la Figura 1 y en el Ejemplo 4). El término "dominio" se refiere a un conjunto de aminoácidos conservados en posiciones específicas a lo largo de un alineamiento de secuencias de proteínas relacionadas evolutivamente. Aunque los aminoácidos de otras posiciones pueden variar entre homólogos, los aminoácidos que están muy conservados en posiciones específicas indican aminoácidos que son esenciales en la estructura, la estabilidad o la función de una proteína. Identificados por su alto grado de conservación en secuencias alineadas de una familia de homólogos de proteínas, pueden usarse como identificadores para determinar si cualquier polipéptido en cuestión pertenece a una familia de polipéptidos identificada previamente (en este caso, las proteínas útiles en los procedimientos de la invención y ácidos nucleicos que codifican las mismas tal como se definen en el presente documento). La expresión "motivo" o "secuencia consenso" o "firma" se refiere a una región conservada corta en la secuencia de proteínas relacionadas evolutivamente. Los motivos son frecuentemente partes muy conservadas de dominios, pero también pueden incluir solo parte del dominio, o estar ubicados fuera del dominio conservado (si todos los aminoácidos del motivo están fuera de un dominio definido).

También existen bases de datos especializadas para la identificación de dominios, por ejemplo, SMART (Schultz y col. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95:5857-5864; Letunic y col. (2002) *Nucleic Acids Res* 30, 242-244, InterPro

(Mulder y col., (2003) Nucl. Acids. Res. 31, 315-318, Prosite (Bucher y Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (In) ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., páginas 53-61, AAAIPress, Menlo Park; Hulo y col., Nucl. Acids. Res. 32:D134-D137. (2004) o Pfam (Bateman y col., Nucleic Acids Research 30(1): 276-280 (2002). Una serie de herramientas para el análisis por ordenador de secuencias de proteínas está disponible en el servidor proteómico ExPASy (proporcionado por Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger y col., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, Nucleic Acids Res. 31:3784-3788(2003)).

Los dominios también pueden identificarse usando técnicas rutinarias, tales como alineamiento de secuencia. Los procedimientos para el alineamiento de secuencias para su comparación son bien conocidos en la técnica; dichos procedimientos incluyen GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. GAP usa el algoritmo de Needleman y Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) para encontrar el alineamiento global (es decir, que abarque las secuencias completas) de dos secuencias que maximice el número de coincidencias y minimice el número de espacios. El algoritmo BLAST (Altschul y col. (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre las dos secuencias. El programa informático para realizar el análisis BLAST está disponible públicamente a través del National Centre for Biotechnology Information (NCBI). Los homólogos pueden identificarse fácilmente usando, por ejemplo, el algoritmo de alineamiento de secuencia múltiple ClustalW (versión 1.83) con los parámetros de alineamiento por pares por defecto, y un procedimiento de clasificación en porcentaje. Los porcentajes globales de similitud e identidad también pueden determinarse usando uno de los procedimientos disponibles en el paquete informático MatGAT (Campanella y col., BMC Bioinformatics. 2003, julio, 10:4:29. MatGAT: una aplicación que genera matrices de similitud/identidad usando secuencias de proteína o de ADN.). Puede realizarse una edición manual secundaria para optimizar el alineamiento entre motivos conservados, como será evidente para un experto en la técnica. Además, en lugar de usar secuencias de longitud completa para la identificación de homólogos, pueden usarse también dominios específicos (tales como el dominio de trehalosa-PP o uno de los motivos definidos anteriormente). Los valores de identidad de secuencia, que se indican en el Ejemplo 3 como porcentaje, se determinaron a lo largo de la totalidad de la secuencia de ácidos nucleicos o de aminoácidos y a lo largo de dominios seleccionados o de motivo(s) conservado(s), usando los programas mencionados anteriormente usando los parámetros por defecto.

Además, las proteínas TPP de clase III (al menos en su forma nativa) tienen normalmente actividad de trehalosa fosfatasa. Los polipéptidos con actividad de trehalosa fosfatasa pertenecen a la clase de enzimas EC:3.1.3.12, según la clasificación de la Comisión de Enzimas del Comité de Nomenclatura de la Unión Internacional de Bioquímica y Biología Molecular (NC-IUBMB). Las enzimas de clase EC:3.1.3.12 catalizan la reacción: trehalosa-6-fosfato + H₂O = trehalosa + fosfato.

La actividad de una proteína trehalosa fosfatasa puede medirse determinando los niveles del sustrato procesado y los niveles de producto acumulados en una reacción *in vitro*, es decir, determinando el nivel de trehalosa-6-fosfato y la acumulación del trehalosa a partir de la reacción. Los procedimientos enzimáticos para medir trehalosa pueden basarse en la hidrólisis de trehalosa para dar glucosa, tales como los descritos por Van Dijk y col. Biochem J. 2002, agosto, 15;366(Pt 1):63-71 y Zentella y col. Plant Physiol., abril, 1999; 119(4): 1473-82.

Los niveles de trehalosa-6-fosfato también pueden medirse por procedimientos HPLC (cromatografía líquida de alto rendimiento) tales como los descritos por Avonce y col. Plant Physiol. 2004, noviembre; 136(3):3649-59; Schluepmann y col. 2003. También se han descrito procedimientos alternativos basados en la determinación de la liberación de fosfato inorgánico a partir de trehalosa-6-fosfato por Klutts y col. J Biol Chem. 2003, enero, 24;278(4):2093-100. Un procedimiento alternativo para determinar niveles de trehalosa-6-fosfato usando cromatografía líquida acoplada a EM-Q3 (EM de triple cuadrupolo) se ha descrito por Lunn y col. Biochem J. 2006, julio, 1; 397(1):139-48. En el Ejemplo 5 y el Ejemplo 6 se proporcionan detalles adicionales.

Los ejemplos de ácidos nucleicos adecuados para su uso en la realización de los procedimientos de la invención incluyen las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, pero no están limitados a estas secuencias. Las variantes de ácidos nucleicos también pueden ser útiles en la puesta en práctica de la invención. Los ejemplos de dichas variantes de ácidos nucleicos incluyen porciones de ácidos nucleicos que codifican una proteína útil en los procedimientos de la invención, hibridación de ácidos nucleicos a ácidos nucleicos que codifican una proteína útil en los procedimientos de la invención, variantes de ajuste de ácidos nucleicos que codifican una proteína útil en los procedimientos de la invención, variantes alélicas de ácidos nucleicos que codifican una proteína útil en los procedimientos de la invención y variantes de ácidos nucleicos que codifican una proteína útil en los procedimientos de la invención que se obtienen mediante transposición génica. Los términos y expresiones porción, secuencia de hibridación, variante de ajuste, variante alélica y transposición génica se describirán ahora.

Los ácidos nucleicos que codifican proteínas útiles en los procedimientos de la divulgación no precisan ser ácidos nucleicos de longitud completa, debido a que la realización de los procedimientos de la divulgación no depende del uso de secuencias de ácidos nucleicos de longitud completa. Las porciones útiles en los procedimientos de la divulgación codifican un polipéptido que está incluido en la definición de un ácido nucleico que codifica una proteína útil en los procedimientos de la divulgación tal como se define en el presente documento y que tiene sustancialmente la misma actividad biológica que las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

Preferentemente, la porción es una porción de uno cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1. La porción tiene normalmente al menos 625 nucleótidos consecutivos de longitud, preferentemente al menos 825 nucleótidos consecutivos de longitud, más preferentemente al menos 1025 nucleótidos consecutivos de longitud y del modo más preferente al menos 1125 nucleótidos consecutivos de longitud, siendo los nucleótidos consecutivos de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1. Del modo más preferente, la porción es una porción del ácido nucleico de SEC ID N°: 1. Preferentemente, la porción codifica una secuencia de aminoácidos que cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPP/TPS, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

Una porción de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III tal como se define en el presente documento puede prepararse, por ejemplo, produciendo una o más deleciones al ácido nucleico. Las porciones pueden usarse en forma aislada o pueden fusionarse con otras secuencias codificantes (o no codificantes) para producir, por ejemplo, una proteína que combina varias actividades. Cuando se fusionan con otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido después de la traducción puede ser mayor que el predicho para la porción de proteína TPP de clase III.

Según la presente divulgación, se proporciona un procedimiento para mejorar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, particularmente para mejorar el rendimiento de semilla, que comprende introducir y expresar en una planta una porción de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, o una porción de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

Otra variante de ácidos nucleicos útil en los procedimientos de la invención es un ácido nucleico capaz de hibridarse en condiciones de rigurosidad reducida, preferentemente en condiciones rigurosas, con un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III tal como se define en el presente documento, o con una porción tal como se define en el presente documento.

Las secuencias de hibridación útiles en los procedimientos de la invención codifican un polipéptido que tiene un dominio de trehalosa-PPasa (véase el alineamiento de la Fig. 2A y la Fig. 3) y que tiene sustancialmente la misma actividad biológica que las proteínas TPP de clase III representadas por cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1. La secuencia de hibridación tiene normalmente al menos 625 nucleótidos consecutivos de longitud, preferentemente al menos 825 nucleótidos consecutivos de longitud, más preferentemente al menos 1025 nucleótidos consecutivos de longitud y del modo más preferente al menos 1125 nucleótidos consecutivos de longitud, siendo los nucleótidos consecutivos de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1. Preferentemente, la secuencia de hibridación es una que es capaz de hibridarse con cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionados en la Tabla A del Ejemplo 1, o con una porción de cualquiera de estas secuencias, definiéndose una porción tal como se ha definido anteriormente. Del modo más preferente, la secuencia de hibridación es capaz de hibridarse a un ácido nucleico representado por SEC ID N°: 1 o con una porción de la misma.

Preferentemente, la secuencia de hibridación codifica una secuencia de aminoácidos cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPP/TPS, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

Del modo más preferente, la molécula de polinucleótidos aislada es capaz de hibridarse en condiciones rigurosas con una secuencia representada por una de SEC ID N° 4, 6 y 8.

Según la presente divulgación, se proporciona un procedimiento para mejorar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, particularmente para mejorar el rendimiento de semilla, que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridarse con uno cualquiera de los ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, o que comprende introducir y expresar en una planta un ácido nucleico capaz de hibridarse con un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parálogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

El término "hibridación", tal como se define en el presente documento, es un procedimiento en el que secuencias de nucleótidos complementarios sustancialmente homólogas se hibridan entre sí. El procedimiento de hibridación puede tener lugar totalmente en solución, es decir, los ácidos nucleicos complementarios están en solución. El procedimiento de hibridación también puede tener lugar con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizado en una matriz tal como perlas magnéticas, perlas de sefrosa o cualquier otra resina. El procedimiento de hibridación puede tener lugar, además, con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizado en un soporte sólido tal como una membrana de nitrocelulosa o de nailon mediante, por ejemplo, fotolitografía en, por ejemplo, un soporte de vidrio silíceo (conocido este último como disposiciones de aminoácidos o microdisposiciones o como chips de ácidos nucleicos). Para permitir que tenga lugar la hibridación, las moléculas de ácido nucleico se desnaturalizan, en general, térmica o químicamente, para deshacer una cadena doble en dos cadenas sencillas y/o para eliminar horquillas u otras estructuras secundarias de los ácidos nucleicos monocatenarios.

El término "rigurosidad" se refiere a las condiciones en las que tiene lugar la hibridación. La rigurosidad de la hibridación está influenciada por condiciones tales como temperatura, sal, concentración, fuerza iónica y composición del tampón de hibridación. Generalmente, las condiciones de alta rigurosidad se seleccionan para que sean aproximadamente 30 °C inferiores al punto de fusión térmico (T_m) para la secuencia específica a una fuerza iónica y un pH definidos. Las condiciones de rigurosidad media son cuando la temperatura es 20 °C inferior a T_m , y las condiciones de alta rigurosidad es cuando la temperatura es 10 °C inferior a T_m . Las condiciones de hibridación de alta rigurosidad se usan normalmente para aislar secuencias de hibridación que tienen una similitud de secuencia alta con la secuencia de ácidos nucleicos diana. No obstante, la secuencia de ácidos nucleicos puede variarse y codificar aún un polipéptido sustancialmente idéntico, debido a la degeneración del código genético. Por lo tanto, pueden necesitarse a veces condiciones de hibridación de rigurosidad media para identificar dichas moléculas de ácidos nucleicos. La T_m es la temperatura a fuerza iónica y pH definidos a la que el 50 % de una secuencia diana se hibrida con una sonda perfectamente coincidente. La T_m depende de las condiciones de solución y de la composición básica y la longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más grandes se hibridan específicamente a temperaturas más altas. La tasa máxima de hibridación se obtiene desde aproximadamente 16 °C hasta 32 °C por debajo de T_m . La presencia de cationes monovalentes en la solución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos cadenas de ácidos nucleicos, promoviendo de este modo la formulación de híbridos; este efecto es visible para concentraciones de sodio superiores a 0,4 M (para concentraciones más elevadas, este efecto puede ignorarse). La formamida reduce la temperatura de fusión del dúplex de ADN-ADN y ADN-ARN con 0,6 a 0,7 °C para cada porcentaje de formamida, y la adición del 50 % de formamida permite realizar la hibridación a 30 a 45 °C, aunque la tasa de hibridación se reducirá. Los emparejamientos incorrectos de pares de bases reducen la tasa de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. En promedio y para sondas grandes, la T_m disminuye aproximadamente 1 °C por % de emparejamiento incorrecto de bases. La T_m puede calcularse usando las ecuaciones siguientes, en función de los tipos de híbridos:

1) híbridos ADN-ADN (Meinkoth y Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

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

2) híbridos ADN-ARN o ARN-ARN:

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

3) híbridos oligo-ADN u oligo-ARN^d:

$$\text{Para } < 20 \text{ nucleótidos: } T_m = 2 (I_n)$$

$$\text{Para } 20\text{-}35 \text{ nucleótidos: } T_m = 22 + 1,46 (I_n)$$

^a o para otro catión monovalente, pero preciso solamente en el intervalo de 0,01-0,4 M.

^b exacto solamente para %GC en el intervalo del 30 % al 75 %.

^c L = longitud de dúplex en pares de bases.

^d Oligo, oligonucleótidos; I_n , longitud eficaz de cebador = $23(N^{\circ} \text{ de G/C}) + (N^{\circ} \text{ de A/T})$.

La unión no específica puede controlarse usando una cualquiera de una serie de técnicas conocidas tales como, por ejemplo, bloqueo de la membrana con soluciones que contienen proteínas, adiciones de ARN, ADN y SDS heterólogos al tampón de hibridación y tratamiento con Rnasa. Para sondas no homólogas, puede realizarse una serie de hibridaciones variando uno de (i) reducir progresivamente la temperatura de hibridación (por ejemplo de 68 °C a 42 °C) o (ii) reducir progresivamente la concentración de formamida (por ejemplo del 50 % al 0 %). El experto es consciente de que pueden alterarse diversos parámetros durante la hibridación y de que se mantendrán o se cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Además de las condiciones de hibridación, la especificidad de hibridación depende también, normalmente, de la función de lavados post-hibridación. Para retirar el fondo resultante de la hibridación no específica, las muestras se lavan con soluciones salinas diluidas. Los factores críticos de dichos lavados incluyen la fuerza iónica y la temperatura de la solución de lavado final: cuanto menor sea la concentración salina y mayor la temperatura de lavado, mayor será la rigurosidad del lavado. Las condiciones de lavado se realizan normalmente a la rigurosidad de hibridación o a una inferior. Una hibridación positiva proporciona una señal que es al menos dos veces la del fondo. En general, las condiciones de rigurosidad adecuadas para los ensayos de hibridación de ácidos nucleicos o los procedimientos de detección por amplificación génica son tal como se han establecido anteriormente. También pueden seleccionarse condiciones más o menos rigurosas. El experto es consciente de que pueden modificarse diversos parámetros durante el lavado y de que se mantendrán o se cambiarán las condiciones de rigurosidad.

Por ejemplo, las condiciones de hibridación de alta rigurosidad típicas para híbridos de ADN con más de 50 nucleótidos abarcan hibridación a 65 °C en 1x SSC o a 42 °C en 1x SSC y el 50 % de formamida, seguida por lavado a 65 °C en 0,3 x SSC. Los ejemplos de condiciones de hibridación de rigurosidad media para híbridos de

ADN con más de 50 nucleótidos abarcan hibridación a 50 °C en 4x SSC o a 40 °C en 6x SSC y el 50 % formamida, seguida por lavado a 50 °C en 2x SSC. La longitud del híbrido es la longitud prevista para la hibridación del ácido nucleico. Cuando los ácidos nucleicos de secuencia conocida se hibridan, la longitud de hibridación puede determinarse alineando las secuencias e identificando las regiones conservadas descritas en el presente documento. 1x SSC es NaCl 0,15 M y citrato de sodio 15 mM; la solución de hibridación y las soluciones de lavado pueden incluir adicionalmente reactivo de Denhardt 5x, el 0,5-1,0 % de SDS, 100 µg/ml de ADN de esperma de salmón fragmentado desnaturalizado, el 0,5 % de pirofosfato de sodio.

Para definir el nivel de rigurosidad, puede hacerse referencia a Sambrook y col. (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York o a *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N.Y. (1989 y actualizaciones anuales).

Otra variante de ácidos nucleicos útil en los procedimientos de la divulgación es una variante de ajuste que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente en el presente documento. La expresión "variante de ajuste", tal como se usa en el presente documento, abarca variantes de una secuencia de ácidos nucleicos en la que los intrones y/o exones seleccionados se han escindido, reemplazado o añadido, o en la que los intrones se han acortado o alargado. Dichas variantes serán unas en las que la actividad biológica de la proteína se conserva sustancialmente; esto puede lograrse conservando selectivamente segmentos funcionales de la proteína. Dichas variantes de ajuste pueden encontrarse en la naturaleza o pueden producirse por el ser humano. Los procedimientos para predecir y aislar dichas variantes de ajuste son bien conocidos en la técnica (véase, por ejemplo, Foissac y Schiex, *BMC Bioinformatics*. 2005; 6: 25).

Según la presente divulgación, se proporciona un procedimiento para mejorar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, particularmente para mejorar el rendimiento de semilla, que comprende introducir y expresar en una planta una variante de ajuste de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, o una variante de ajuste de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parólogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

Las variantes de ajuste preferentes son variantes de ajuste de un ácido nucleico representado por SEC ID N°: 1 o una variante de ajuste de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parólogo de SEC ID N°: 2. Preferentemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante de ajuste comprende uno o más cualesquiera de los motivos o dominios tal como se definen en el presente documento. Preferentemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante de ajuste, cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPP/TPS, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

Otra variante de ácidos nucleicos útil en los procedimientos de la divulgación es una variante alélica de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente en el presente documento. Los alelos o variantes alélicas son formas alternativas de un gen dado, ubicadas en la misma posición cromosómica. Las variantes alélicas existen en la naturaleza y el uso de estos alelos naturales está abarcado dentro de los procedimientos de la presente divulgación. Las variantes alélicas abarcan polimorfismos mononucleótidos (SNP), así como polimorfismos de inserción/delección pequeños (INDEL). El tamaño de INDEL es habitualmente inferior a 100 pb. Los SNP y los INDEL forman el conjunto de variantes de secuencia más grande en cepas polimórficas naturales de la mayor parte de los organismos. Las variantes alélicas útiles en los procedimientos de la presente divulgación tienen sustancialmente la misma actividad biológica que la proteína TPP de clase III de SEC ID N°: 2.

Según la presente divulgación, se proporciona un procedimiento para mejorar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas, particularmente para mejorar el rendimiento de semilla, que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, o que comprende introducir y expresar en una planta una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parólogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1.

Preferentemente, la variante alélica es una variante alélica de SEC ID N°: 1 o una variante alélica de un ácido nucleico que codifica un ortólogo o parólogo de SEC ID N°: 2. Preferentemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante alélica comprende uno o más cualesquiera de los motivos o dominios tal como se definen en el presente documento. Preferentemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante alélica, cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPS/TPP, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

Otra variante de ácidos nucleicos útil en los procedimientos de la divulgación es una variante de ácidos nucleicos obtenida mediante transposición génica. La transposición génica o evolución dirigida también puede usarse para generar variantes de ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III tal como se han definido anteriormente. Esto consiste en iteraciones de transposición de ADN seguidas por cribado y/o selección para generar variantes de ácidos nucleicos o porciones de los mismos que codifican proteínas TPP de clase III tal como

se han definido anteriormente que tienen una actividad biológica modificada (Castle y col., (2004) Science 304(5674): 1151-4; patentes de Estados Unidos N° 5.811.238 y N° 6.395.547).

5 Según la presente divulgación, se proporciona un procedimiento para mejorar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas que comprende introducir y expresar en una planta una variante de una cualquiera de las secuencias de ácidos nucleicos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1 o que comprende introducir y expresar en una planta una variante de un ácido nucleico que codifica un ortólogo, parólogo u homólogo de cualquiera de las secuencias de aminoácidos proporcionadas en la Tabla A del Ejemplo 1, obteniéndose la variante de ácidos nucleicos por transposición génica.

10 Preferentemente, la variante de aminoácidos obtenida por transposición génica codifica una secuencia de aminoácidos que comprende uno o más cualesquiera de los motivos o dominios tal como se definen en el presente documento. Preferentemente, la secuencia de aminoácidos codificada por la variante de ácidos nucleicos obtenida por transposición génica, cuando se usa en la construcción de un árbol filogenético TPS/TPP, tal como el representado en la Fig. 2A, tiende a agruparse con el grupo de proteínas TPP de clase III que comprende la secuencia de aminoácidos representada por SEC ID N°: 2 más que con cualquier otro grupo.

15 Además, las variantes de ácidos nucleicos pueden obtenerse también por mutagénesis dirigida al sitio. Están disponibles varios procedimientos para lograr una mutagénesis dirigida al sitio, siendo los más comunes procedimientos basados en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

20 Los ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III pueden derivarse de cualquier fuente natural o artificial. El ácido nucleico puede modificarse a partir de su forma nativa en su composición y/o ambiente genómico mediante manipulación humana deliberada. Preferentemente, el ácido nucleico que codifica TPP de clase III es de una planta, más preferentemente de una planta dicotiledónea, más preferentemente de la familia de las Brassicaceae, del modo más preferente el ácido nucleico es de *Arabidopsis thaliana*.

25 Cualquier referencia en el presente documento a una proteína TPP de clase III se toma, por lo tanto, de modo que signifique una proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente. Cualquier ácido nucleico que codifica dicha proteína TPP de clase III es adecuado para su uso en la realización de los procedimientos de la divulgación.

La presente divulgación también abarca plantas o partes de las mismas (incluidas semillas) que pueden obtenerse mediante los procedimientos según la presente divulgación. Las plantas o partes de las mismas comprenden un transgén de ácidos nucleicos que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente.

30 La invención también proporciona secuencias de ácidos nucleicos TPP de clase III y secuencias de proteínas TPP de clase III desconocidas hasta la fecha. Estas secuencias son también útiles en la realización de los procedimientos de la invención.

Según otra realización de la presente invención, se proporciona, por lo tanto, una molécula de ácido nucleico aislada que comprende:

- (i) un ácido nucleico representado por SEC ID N°: 3;
- 35 (ii) el complemento de una cualquiera de las SEC ID N° indicadas en (i);
- (iii) un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III que tiene, en orden creciente de preferencia, al menos el 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o el 100 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4.

Según otra realización de la presente invención, se proporciona también un polipéptido aislado que comprende:

- 40 (i) una secuencia de aminoácidos representada por SEQ ID N° 4;
- (ii) una secuencia de aminoácidos que tiene, en orden creciente de preferencia, al menos el 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o el 100 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4.

45 La invención también proporciona constructos y vectores genéticos para facilitar la introducción y/o la expresión de las secuencias de ácidos nucleicos útiles en los procedimientos según la invención en una planta. Los constructos génicos pueden insertarse en vectores, que pueden estar disponibles comercialmente, adecuados para transformarse en las plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en células transformadas. La invención también proporciona el uso de un constructo génico tal como se define en el presente documento en los procedimientos de la invención.

50 Más específicamente, la presente invención proporciona un constructor que comprende:

- (a) un ácido nucleico que codifica la proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente;

(b) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (a), en el que dicha, una, secuencia de control es un promotor GOS2; y opcionalmente

(c) una secuencia de terminación de la transcripción.

El ácido nucleico presente en el constructo según la invención es una molécula polinucleotídica que codifica una proteína TPP de clase III con una secuencia de aminoácidos en orden creciente de preferencia de al menos el 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o el 100 % de identidad de secuencia con una secuencia representada por SEC ID N°: 4. Del modo más preferente, la molécula polinucleotídica TPP de clase III es la secuencia de nucleótidos de SEC ID N°: 3.

Las plantas se transforman con un vector que comprende la secuencia de interés (es decir, un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III tal como se define en el presente documento. El experto es consciente de los elementos genéticos que deben estar presentes en el vector para transformar, seleccionar y propagar exitosamente células huésped que contienen la secuencia de interés. La secuencia de interés está unida operativamente a una o más secuencias de control (al menos a un promotor). Las expresiones "elemento regulador", "secuencia de control" y "promotor" se usan todas indistintamente en el presente documento y pueden tomarse en un contexto amplio de modo que se refieran a secuencias de ácidos nucleicos capaces de efectuar la expresión de las secuencias a las que están ligadas. El término "promotor" se refiere normalmente a una secuencia de control de ácidos nucleicos ubicada cadena arriba a partir del inicio transcripcional de un gen y que está implicada en el reconocimiento y la unión de la ARN polimerasa y otras proteínas, dirigiendo de este modo la transcripción de un ácido nucleico unido operativamente. Abarcadas por las expresiones mencionadas anteriormente se encuentran secuencias transcripcionales reguladoras derivadas de una gen genómico eucariota clásico (incluida la caja TATA que se requiere para el inicio de la transcripción apropiada, con o sin secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir, secuencias activadoras, potenciadores y silenciadores cadena arriba) que alteran la expresión génica en respuesta a estímulos del desarrollo y/o externos, o de un modo específico de tejido. También están incluidos dentro del término una secuencia reguladora transcripcional de un gen procariota clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladoras transcripcionales de caja -10. La expresión "elemento regulador" también abarca una molécula de fusión sintética o un derivado que confiere, activa o potencia la expresión de una molécula de ácidos nucleicos en una célula, un tejido o un órgano. La expresión "unido operativamente", tal como se usa en el presente documento, se refiere a una unión funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de modo que la secuencia promotora sea capaz de iniciar la transcripción del gen de interés.

De forma ventajosa puede usarse cualquier tipo de promotor para dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos. El término "promotor" se refiere normalmente a una secuencia de control de ácidos nucleicos ubicada cadena arriba a partir del inicio transcripcional de un gen y que está implicada en el reconocimiento y la unión de la ARN polimerasa y otras proteínas, dirigiendo de este modo la transcripción de un ácido nucleico unido operativamente. Un promotor "vegetal" comprende elementos reguladores que median la expresión de un segmento de secuencia codificante en células vegetales. En consecuencia, un promotor vegetal no precisa ser de origen vegetal, sino que puede originarse a partir de virus o microorganismos, por ejemplo a partir de virus que atacan células vegetales. El "promotor vegetal" también puede originarse a partir de una célula vegetal, por ejemplo a partir de la planta que está transformada con la secuencia de ácidos nucleicos que se va a expresar. Esto se aplica también a otras señales reguladoras "vegetales", tales como terminadores "vegetales". Los promotores cadena arriba de las secuencias de nucleótidos útiles en los procedimientos de la presente invención pueden modificarse mediante una o más sustituciones, inserciones y/o deleciones de nucleótidos sin interferir con la funcionalidad o la actividad de cualquiera de los promotores, el marco de lectura abierto (ORF) o la región reguladora 3' tales como terminadores u otras regiones reguladoras 3' que están localizadas fuera del ORF. También es posible que la actividad de los promotores se aumente mediante modificación de su secuencia, o que se reemplacen completamente mediante más promotores activos, incluso promotores de organismos heterólogos. Para la expresión en plantas, la molécula de ácido nucleico está unida operativamente a un promotor adecuado.

El promotor puede ser un promotor constitutivo, que se refiere a un promotor que está transcripcionalmente activo durante la mayor parte de, pero no necesariamente todas, las fases de su crecimiento y desarrollo y en las condiciones más ambientales, en al menos una célula, un tejido o un órgano. Como alternativa, el promotor puede ser un promotor inducible, es decir, que tiene una iniciación de la transcripción inducida o aumentada en respuesta a un estímulo químico (para una revisión, véase, Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108), ambiental o físico. Otro ejemplo de un promotor inducible es un promotor inducible por estrés, es decir, un promotor que se activa cuando una planta se expone a diversas condiciones de estrés, o un promotor inducido por patógeno.

Adicionalmente o como alternativa, el promotor puede ser un promotor específico de órgano o específico de tejido, es decir, uno que es capaz de iniciar la transcripción preferentemente en determinados órganos o tejidos, tales como hojas, raíces, tejidos de semilla, etc.; o el promotor puede ser un promotor ubicuo, que es activo en sustancialmente todos los tejidos o las células de un organismo, o el promotor puede regularse en desarrollo, siendo por lo tanto activo durante determinadas etapas de desarrollo o en partes de la planta que experimentan cambios de desarrollo. Los promotores capaces de iniciar la transcripción solo en determinados órganos o tejidos se denominan en el presente documento "específicos de órgano" o "específicos de tejido" respectivamente; de forma similar, los

promotores capaces de iniciar la transcripción solo en determinadas células se denominan en el presente documento "específicos de célula".

Preferentemente, el ácido nucleico TPP de clase III o una variante del mismo está unido operativamente a un promotor constitutivo. Un promotor constitutivo preferente es uno que se expresa también de forma sustancialmente ubicua. Más preferentemente, el promotor se deriva de una planta, más preferentemente de una planta monocotiledónea. Es el más preferente el uso de un promotor GOS2, preferentemente un promotor GOS2 de arroz, del modo más preferente un promotor sustancialmente representado por SEC ID N°: 98. Debería aclararse que la aplicabilidad de la presente invención no está restringida al ácido nucleico TPP de clase III representado por SEC ID N°: 1, ni la aplicabilidad de la invención está restringida a la expresión de un ácido nucleico TPP de clase III cuando se dirige por medio de un promotor GOS2. Según otra característica preferente de la invención, el promotor constitutivo es un promotor de proteína de grupo de movilidad alta (HMGP), preferentemente un promotor HMGP de arroz, más preferentemente de forma sustancialmente similar a SEC ID N°: 131, del modo más preferentemente idéntico a SEC ID N°: 131. Los ejemplos de otros promotores constitutivos que también pueden usarse para dirigir la expresión de un ácido nucleico TPP de clase III se muestran en la Tabla 2 siguiente.

Tabla 2: Ejemplos de promotores constitutivos

Fuente génica	Referencia
Actina	McElroy y col., Plant Cell, 2: 163-171, 1990
CAMV 35S	Odell y col, Nature, 313: 810-812, 1985
CaMV 19S	Nilsson y col., Physiol. Plant. 100:456-462, 1997
GOS2	de Pater y col., Plant J, Nov ;2(6):837-44, 1992, documento WO 2004/065596
Ubiquitina	Christensen y col., Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Ciclofilina de arroz	Buchholz y col., Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
Histona H3 de maíz	Lepetit y col., Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
Histona H3 de alfalfa	Wu y col. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Actina 2	An y col., Plant J. 10(1); 107-121, 1996
34S FMV	Sanger y col., Plant. Mol. Biol., 14, 1990: 433-443
Subunidad pequeña Rubisco	documento US 4.962.028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain y col., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
nos	Shaw y col. (1984) Nucleic Acids Res. 12(20):7831-7846
V-ATPasa	documento WO 01/14572
Superpromotor	documento WO 95/14098
Proteínas de caja G	documento WO 94/12015

Para la identificación de promotores funcionalmente equivalentes, la fuerza de promotor y/o el patrón de expresión de un promotor experimental pueden analizarse, por ejemplo, mediante la unión operativa del promotor a un gen comunicador y evaluando el nivel y el patrón de expresión del gen comunicador en diversos tejidos de la planta. Los genes comunicadores bien conocidos adecuados incluyen, por ejemplo, beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La actividad promotora se evalúa midiendo la actividad enzimática de la beta-glucuronidasa o beta-galactosidasa. La fuerza promotora y/o el patrón de expresión pueden compararse a los de un promotor de referencia (tal como el que se usa en los procedimientos de la presente invención). Como alternativa, la fuerza promotora puede evaluarse cuantificando niveles de ARNm o comparando niveles de ARNm del ácido nucleico usado en los procedimientos de la presente invención con niveles de ARNm de genes domésticos tales como ARNm 18S, usando procedimientos conocidos en la técnica tales como inmunotransferencia (Northern) con análisis densitométrico de autorradiogramas, PCR en tiempo real o RT-PCR cuantitativa (Heid y col., 1996 Genome Methods 6: 986-994). Generalmente, la

expresión "promotor débil" se refiere a un promotor que dirige la expresión de una secuencia codificante a un nivel bajo, niveles de aproximadamente 1/10.000 transcritos a aproximadamente 1/100.000 transcritos, a aproximadamente 1/500.000 transcritos por célula. Inversamente, un "promotor fuerte" controla la expresión de una secuencia codificante a un nivel elevado, o a aproximadamente 1/10 transcritos a aproximadamente 1/100 transcritos a aproximadamente 1/1.000 transcritos por célula.

Opcionalmente, pueden usarse una o más secuencias de terminador en el constructo introducido en una planta. El término "terminador" abarca una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad transcripcional que señala el procesamiento y la poliadenilación en 3' de un transcrito primario y la terminación de la transcripción. El terminador puede derivarse del gen natural, de una diversidad de otros genes vegetales o de ADN-T. El terminador que se va a añadir puede derivarse de, por ejemplo, los genes de nopalina sintasa u octopina sintasa, o como alternativa de otro gen vegetal, o menos preferentemente de cualquier otro gen eucariota. Los elementos reguladores adicionales pueden incluir potenciadores transcripcionales, así como traduccionales. Los expertos en la técnica son conscientes de las secuencias terminadoras y potenciadoras que pueden ser adecuadas para su uso en la realización de la invención. Dichas secuencias serían conocidas o pueden obtenerse fácilmente por un experto en la técnica.

Una secuencia de intrón también puede añadirse a la región 5' sin traducir (UTR) o en la secuencia codificante para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol. Se ha demostrado que la inclusión de un intrón ajustable en la unidad de transcripción en constructos de expresión tanto vegetales como animales aumenta la expresión génica en niveles tanto de ARNm como de proteínas hasta 1000 veces (Buchman y Berg, Mol. Cell Biol. 8:4395-4405 (1988); Callis y col., Genes Dev. 1:1183-1200 (1987)). La potenciación por intrón de la expresión génica es normalmente la más elevada cuando se sitúa cerca del extremo 5' de la unidad de transcripción. El uso de los intrones de maíz Adh1-S 1, 2 y 6, el intrón Bronze-1 es conocido en la técnica. Para una información general, véase The Maize Handbook, capítulo 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Otras secuencias de control (aparte de secuencias de promotor, potenciador, silenciador, intrón, regiones 3'UTR y/o 5'UTR) pueden ser proteínas y/o elementos estabilizantes de ARN. Dichas secuencias serían conocidas o pueden obtenerse fácilmente por un experto en la técnica.

Los constructos genéticos de la invención pueden incluir adicionalmente un origen de secuencia de replicación que es necesaria para el mantenimiento y/o la replicación en un tipo celular específico. Un ejemplo es cuando se necesita mantener un constructo genético en una célula bacteriana como un elemento genético episomal (por ejemplo, molécula de plásmido o de cósmido). Los orígenes de replicación preferentes incluyen, pero sin limitación, el f1-ori y colE1.

Para la detección de la transferencia exitosa de las secuencias de ácidos nucleicos tal como se usan en los procedimientos de la invención y/o la selección de plantas transgénicos que comprenden estos ácidos nucleicos, se usan ventajosamente genes marcadores (o genes comunicadores). Por lo tanto, el constructo genético puede comprender adicionalmente un gen marcador de selección. Tal como se usa en el presente documento, la expresión "marcador seleccionable", gen marcador seleccionable" o "gen comunicador" incluye cualquier gen que confiera un fenotipo a una célula en la que se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o se transforman con un constructo de ácido nucleico de la invención. Estos genes marcadores posibilitan la identificación de una transferencia exitosa de las moléculas de ácido nucleico mediante una serie de diferentes principios. Los marcadores adecuados pueden seleccionarse a partir de marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten la selección visual. Los ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a antibióticos (tales como *nptII* que fosforila neomicina y kanamicina, o *hpt*, que fosforila higromicina, o genes que confieren resistencia a, por ejemplo, bleomicina, estreptomicina, tetraciclina, cloramfenicol, ampicilina, gentamicina, geneticina (G418), espectinomycin o blasticidina), a herbicidas (por ejemplo *bar* que proporciona resistencia a Basta[®]; *aroA* o *gox* que proporcionan resistencia fernte al glifosato, o los genes que confieren resistencia a, por ejemplo, imidazolinona, fosfinotricina o sulfonilurea), o genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como *manA* que permite a las plantas el uso de manosa como única fuente de carbono o xilosa isomerasa para el uso de xilosa, o marcadores antinutritivos tales como la resistencia a 2-desoxiglucosa). La expresión de genes marcadores visuales que da como resultado la formación de coloro (por ejemplo β -glucuronidasa, GUS o β -galactosidasa con sus sustratos coloreados, por ejemplo X-Gal), luminiscencia (tal como el sistema luciferina/luciferasa) o fluorescencia (proteína fluorescente verde, GFP, y derivados de la misma). Esta lista solo representa una cantidad pequeña de posibles marcadores. El experto está familiarizado con dichos marcadores. Son preferentes diferentes marcadores, en función del organismo y el procedimiento de selección.

Se sabe que tras la integración estable o transitoria de ácidos nucleicos en células vegetales, solo una minoría de las células capta el ADN extraño y, si se desea, lo integra en su genoma, en función del vector de expresión usado y de la técnica de transfección usada. Para identificar y seleccionar estos integrantes, se introduce habitualmente un gen que codifica un marcador de selección (tal como los descritos anteriormente) en células huésped junto con el gen de interés. Estos marcadores pueden usarse, por ejemplo, en mutantes en los que estos genes no son funcionales, por ejemplo, delección mediante procedimientos convencionales. Además, las moléculas de ácidos nucleicos que codifican un marcador de selección pueden introducirse en una célula huésped en el mismo vector

que comprende la secuencia que codifica los polipéptidos de la invención o se usa en los procedimientos de la invención, o si no en un vector aparte. Las células que se han transfectado de forma estable con el ácido nucleico introducido pueden identificarse, por ejemplo, mediante selección (por ejemplo, células que han integrado el marcador seleccionable sobreviven, mientras que las otras células mueren).

- 5 Ya que los genes marcadores, particularmente genes que confieren resistencia a antibióticos y herbicidas, ya no se necesitan o no se desean en la célula huésped transgénica una vez los ácidos nucleicos se han introducir exitosamente, el procedimiento según la invención para la introducción de los ácidos nucleicos usa ventajosamente técnicas que posibilitan la eliminación o la excisión de estos genes marcadores. Uno de dichos procedimientos se conoce como cotransformación. El procedimiento de cotransformación usa dos vectores simultáneamente para la
- 10 transformación, un vector que porta el ácido nucleico según la invención y un segundo que porta el gen marcador o los genes marcadores. Una proporción grande de transformantes recibe o, en el caso de plantas, comprende (hasta el 40 % o más de los transformantes) ambos vectores. En caso de transformación con *Agrobacteria*, los transformantes reciben habitualmente solo una parte del vector, es decir, la secuencia flanqueada por el ADN-T, que representa habitualmente el casete de expresión. Los genes marcadores pueden retirarse subsiguientemente de la
- 15 planta transformada mediante la realización de cruces. En otro procedimiento, los genes marcadores integrados en un transposón se usan para la transformación junto con el ácido nucleico deseado (conocido como tecnología Ac/Ds). Los transformantes pueden cruzarse con una fuente de transposasa o los transformantes se transforman con un constructo de ácido nucleico que confiere la expresión de una transposasa, de forma transitoria o estable. En algunos casos (aproximadamente el 10 %), el transposón salta del genoma de la célula huésped una vez ha tenido lugar exitosamente la transformación y se pierde. En otra serie de casos, el transposón salta a una ubicación diferente. En estos casos, el gen marcador debe eliminarse realizando cruces. En microbiología, las técnicas se desarrollaron para posibilitar, o facilitar, la detección de dichos eventos. Un procedimiento ventajoso adicional se basa en lo que se conoce como sistemas de recombinación, que tienen la ventaja de que la eliminación puede dispersarse mediante cruzamiento. El mejor sistema conocido de este tipo es el que es conocido como sistema
- 25 Cre/lox. Cre1 es una recombinasa que elimina las secuencias ubicadas entre las secuencias loxP. Si el gen marcador se integra entre las secuencias loxP, se retira una vez ha tenido lugar la transformación exitosamente, mediante expresión de la recombinasa. Otros sistemas de recombinación son los sistemas HIN/HIX, FLP/FRT y REP/STB (Tribble y col., J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255-22267; Velmurugan y col., J. Cell Biol., 149, 2000: 553-566). Una integración específica del sitio en el genoma de la planta de las secuencias de ácidos nucleicos según la invención es posible. Naturalmente, estos procedimientos también pueden aplicarse a microorganismos tales como
- 30 levaduras, hongos o bacterias.

La invención también proporciona un procedimiento de producción de plantas transgénicas que tienen rasgos relacionados con el rendimiento de semilla potenciados con respecto a las plantas de control, que comprende la introducción y la expresión en una planta de cualquier ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido en la reivindicaciones. Dicho rendimiento de semilla aumentado es uno cualquiera o más de los

35 siguientes:

- (i) Número aumentado de semillas por planta;
- (i) Número aumentado de semillas llenas por planta;
- (iii) Peso aumentado de las semillas por planta.

40 Para los fines de la invención, "transgénico", "transgén" o "recombinante" significan con respecto a, por ejemplo, una secuencia de ácido nucleico, un casete de expresión, un constructo génico o un vector que comprende la secuencia de ácido nucleico o un organismo transformado con las secuencias de ácidos nucleicos, casetes de expresión o vectores según la invención, todas aquellas construcciones realizadas mediante procedimientos recombinantes en los que

- 45 (a) las secuencias de ácido nucleicos que codifican proteínas útiles en los procedimientos de la invención, o
- (b) la secuencia o las secuencias de control genético que está(n) unida(s) operativamente con la secuencia de ácido nucleico según la invención, por ejemplo un promotor, o
- (c) a) y b)

no se localizan en su ambiente genético natural o se han modificado mediante procedimientos recombinantes, siendo posible que la modificación adopte la forma de, por ejemplo, una sustitución, una adición, una delección, una inversión o una inserción de uno o más residuos de nucleóticos. Se entiende que el ambiente genético natural significa el locus genómico o cromosómico natural de la planta original o la presencia de una biblioteca genómica. En el caso de una biblioteca genómica, el ambiente genético natural de la secuencia de ácido nucleico preferentemente se conserva, al menos en parte. El ambiente flanquea la secuencia de ácidos nucleicos al menos por un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferentemente al menos 500 pb, de modo especialmente preferente al menos 1000 pb, del modo más preferente al menos 5000 pb. Un casete de expresión de origen natural (por ejemplo la combinación de origen natural del promotor natural de las secuencias de ácidos nucleicos con la secuencia de ácidos nucleicos correspondiente que codifica un polipéptido útil en los procedimientos de la presente invención, tal como se ha definido anteriormente) se convierte en un casete de

50

55

expresión transgénico cuando este casete de expresión se modifica mediante procedimientos no naturales, sintéticos ("artificiales") tales como, por ejemplo, tratamiento mutagénico. Se describen procedimientos adecuados, por ejemplo, en los documentos US 5.565.350 o WO 00/15815.

5 Más específicamente, la presente invención proporciona un procedimiento de producción de plantas transgénicas que tengan rendimiento aumentado, procedimiento que comprende:

(i) introducir y expresar en una planta, parte de planta o célula vegetal un ácido nucleico TPP de clase III tal como se define en la reivindicaciones; y

(ii) cultivar la célula vegetal en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.

Dicho rendimiento de semilla es uno cualquiera o más de los siguientes:

10 (i) Número aumentado de semillas por planta;

(i) Número aumentado de semillas llenas por planta;

(iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

15 El ácido nucleico puede introducirse directamente en una célula vegetal o en la planta misma (incluida la introducción en un tejido, órgano o cualquier otra parte de una planta). Según una característica preferente de la presente invención, el ácido nucleico se introduce preferentemente en una planta mediante transformación.

20 El término "introducción" o "transformación", tal como se denomina en el presente documento, abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno a una célula huésped, independientemente del procedimiento usado para la transferencia. El tejido vegetal capaz de propagación clónica subsiguiente, bien mediante organogénesis o bien de embriogénesis, pueden transformarse con un constructo genético de la presente invención y puede regenerarse una planta completa a partir del mismo. El tejido particular elegido variará dependiendo de los sistemas de propagación clónica disponibles para, y mejor adaptados a, la especie particular que se va a transformar. Las dianas tisulares ejemplares incluyen discos de hojas, polen, embriones, cotiledones, hipocótilos, megegametofitos, tejido calloso, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristemo apical, brotes axilares y meristemas radiculares) y inducen tejido meristemático (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo de hipocótilo). El polinucleótido puede 25 introducirse transitoriamente o de modo estable en la célula huésped y puede mantenerse no integrado, por ejemplo como un plásmido. Como alternativa puede integrarse en el genoma huésped. La célula vegetal transformada resultante puede usarse después para regenerar una planta transformada de un modo conocido por el experto en la técnica.

30 La transferencia de genes externos al genoma de una planta se denomina transformación. La transformación de especies vegetales es actualmente una técnica bastante rutinaria. Ventajosamente, puede usarse cualquiera de diversos procedimientos de transformación para introducir el gen de interés en una célula antecesora adecuada. Los procedimientos descritos para la transformación y la regeneración de plantas a partir de tejidos vegetales o células vegetales pueden usarse para una transformación transitoria o una estable. Los procedimientos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, productos químicos que aumentan la captación de ADN libre, 35 inyección del ADN directamente a la planta, bombardeo con pistola de partículas, transformación usando virus o polen y microproyección. Los procedimientos pueden seleccionarse a partir del procedimiento de calcio/poli(etilenglicol) para protoplastos (Krens, F.A. y col., (1982) Nature 296, 72-74; Negrutiu I y col. 1987 Plant Mol. Biol. 8: 363-373); electroporación de protoplastos (Shillito R.D. y col. (1985) Bio/Technol 3, 1099-1102); microinyección en material vegetal (Crossway A y col., (1986) Mol. Gen Genet 202: 179-185); bombardeo de 40 partículas recubiertas con ADN o ARN (Klein TM y col., (1987) Nature 327: 70) infección con virus (no integrativos) y similares. Las plantas transgénicas, incluidas plantas de cultivo transgénicas, se producen preferentemente mediante transformación mediada por *Agrobacterium*. Un procedimiento de transformación ventajoso es la transformación *in planta*. Para este fin es posible, por ejemplo, permitir que la agrobacteria actúe sobre semillas de plantas o inocular al meristemo de la planta agrobacteria. Se ha probado de forma particularmente conveniente 45 según la invención permitir que una suspensión de agrobacteria transformada actúe sobre la planta intacta o al menos sobre los primordios de las flores. Subsiguientemente, la planta se cultiva hasta que se obtienen las semillas de la planta tratada (Clough y Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Los procedimientos de transformación de arroz mediada por agrobacterias incluyen procedimientos bien conocidos para la transformación de arroz, tales como los descritos en cualquiera de los siguientes: Solicitud de patente europea EP 1198985 A1, Aldemita y Hodges (Planta 50 199: 612-617, 1996); Chan y col. (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei y col. (Plant J 6 (2): 271-282, 1994). En el caso de transformación de maíz, el procedimiento preferente es tal como se describe bien por Ishida y col. (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) o bien por Frame y col. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002). Dichos procedimientos se describen adicionalmente a modo de ejemplo por B. Jené y col., Techniques for Gene Transfer, en: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 y en Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). Los ácidos nucleicos del constructo que se va a 55 expresar se clonan preferentemente en un vector que sea adecuado para transformar *Agrobacterium tumefaciens*, por ejemplo pBin19 (Bevan y col., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). La agrobacteria transformada por dicho vector puede usarse después de modo conocido para la transformación de plantas, tales como plantas usadas como

modelo, como *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* no se considera dentro del ámbito de la presente invención como una planta de cultivo), o plantas de cultivo tales como, por ejemplo, plantas de tabaco, por ejemplo sumergiendo hojas golpeadas u hojas cortadas en una solución agrobacteriana y después cultivándolas en medios adecuados. La transformación de plantas por medio de *Agrobacterium tumefaciens* se describe, por ejemplo, por Höfgen y Willmitzer en Nucl. Acids Res. (1988) 16, 9877 o es conocido por, entre otros, F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; en Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, páginas 15-38.

Además de la transformación de células somáticas, que después deben regenerarse en plantas intactas, también es posible transformar las células de meristemos vegetales y en particular aquellas células que se desarrollan en gametos. En este caso, los gametos transformados siguen el desarrollo natural de la planta, dando lugar a plantas transgénicas. Así, por ejemplo, se tratan semillas de *Arabidopsis* con agrobacterias y se obtienen semillas de las plantas en desarrollo de las que una determinada proporción está transformada y, por lo tanto, es transgénica [Feldman, KA y Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274-289; Feldmann K (1992). En: C Koncz, N-H Chua y J Shell, eds, Methods in Arabidopsis Research. Word Scientific, Singapur, páginas 274-289]. Los procedimientos alternativos se basan en la eliminación repetida de las inflorescencias e incubación de los sitios de escisión en el centro de la roseta con agrobacterias transformadas, con lo que las semillas transformadas pueden obtenerse asimismo en un punto temporal posterior (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). No obstante, un procedimiento especialmente eficaz es el procedimiento de infiltración al vacío con sus modificaciones tales como el procedimiento de "inmersión floral". En el caso de infiltración al vacío de *Arabidopsis*, se tratan plantas intactas a presión reducida con una suspensión agrobacteriana [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199], mientras que en el caso de el procedimiento de "inmersión floral" el tejido floral en desarrollo se incuba brevemente con una suspensión agrobacteriana tratada con tensioactivo [Clough, SJ y Bent, AF (1998). The Plant J. 16, 735-743]. Una determinada proporción de semillas transgénica se recolecta en ambos casos y estas semillas pueden distinguirse de semillas no transgénicas mediante cultivo en las condiciones selectivas descritas anteriormente. Además, la transformación estable de plástidos es ventajosa debido a que los plástidos se heredan por vía materna en la mayor parte de los cultivos, reduciendo o eliminando el riesgo de flujo transgénico a través del polen. La transformación del genoma del cloroplasto se logra generalmente mediante un procedimiento que se ha representado esquemáticamente por Klaus y col., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. Brevemente, las secuencias que se van transformar se clonan conjuntamente con un gen marcador de selección entre homólogos de secuencias flanqueantes al genoma del cloroplasto. Estas secuencias flanqueantes homólogas dirigen la integración específica del sitio en el plastoma. La transformación plastídica se ha descrito para muchas especies de plantas diferentes y se proporciona una visión general en Bock (2001) Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001, septiembre, 21; 312 (3):425-38 o Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28. Recientemente se ha informado de otros progresos biotecnológicos en forma de transformantes de plástidos carentes de marcadores que pueden producirse mediante un gen marcador cointegrado transitorio (Klaus y col., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229). Las células vegetales modificadas genéticamente pueden regenerarse mediante todos los procedimientos con los que está familiarizado el experto. Pueden encontrarse procedimientos adecuados en las publicaciones mencionadas anteriormente por S.D. Kung y R. Wu, Potrykus o Höfgen y Willmitzer.

Generalmente, después de la transformación se seleccionan células vegetales o agrupaciones celulares por la presencia de uno más marcadores que están codificados por genes que pueden expresarse en plantas cotransferidos con el gen de interés, siguiendo lo cual el material transformado se regenera en una planta completa.

Para seleccionar plantas transformadas, el material vegetal obtenido en la transformación se somete, generalmente, a condiciones selectivas, de modo que puedan distinguirse plantas transformadas de plantas sin transformar. Por ejemplo, las semillas obtenidas del modo descrito anteriormente pueden plantarse y, después de un periodo de crecimiento inicial, se someten a una selección adecuada por pulverización. Otra posibilidad consiste en el cultivo de semillas, si es apropiado después de esterilización, en placas de agar usando un agente de selección adecuado de modo que solo puedan crecer las semillas transformadas para dar plantas. Como alternativa, las plantas transformadas se criban según la presencia de un marcador de selección tal como los descritos anteriormente.

Siguiendo a la transferencia y la regeneración de ADN, las plantas transformadas putativamente también pueden evaluarse, por ejemplo usando análisis Southern, para determinar la presencia del gen de interés, el número de copias y/o la organización genómica. Como alternativa o adicionalmente, puede realizarse un seguimiento de los niveles de expresión del ADN introducido recientemente usando análisis Northern y/o Western, siendo ambas técnicas bien conocidas por expertos en la técnica.

Las plantas transformadas generadas pueden propagarse mediante una diversidad de medios, tales como por propagación clónica o técnicas de reproducción clásicas. Por ejemplo, una planta transformada de primera generación (o T1) puede reproducirse asexualmente y seleccionarse transformantes de segunda generación (o T2) homocigóticos, y las plantas T2 pueden propagarse posteriormente mediante técnicas de cultivo clásicas.

Los organismos transformados generados pueden adoptar una diversidad de formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y sin transformar; transformantes clónicos (por ejemplo todas las células

transformadas para que contengan el casete de expresión); injertos de tejidos transformados y sin transformar (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado a un vástago sin transformar).

La presente invención se extiende claramente a cualquier célula vegetal o planta producida por cualquiera de los procedimientos descritos en el presente documento y a todas las partes de plantas y propágulos de las mismas. La presente invención se expande además para que abarque la progenie de una célula, tejido, órgano o planta completa transformada o transfectada que se ha producido por cualquiera de los procedimientos mencionados anteriormente, siendo el único requerimiento que la progenie muestre la misma o las mismas características genotípicas y/o fenotípicas que las producidas por el progenitor en los procedimientos según la invención.

La divulgación también incluyen células huésped que contienen un ácido nucleico aislado que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido anteriormente en el presente documento. Las células huésped preferentes según la invención son células vegetales.

Las plantas huésped para los ácidos nucleicos o el vector usados en el procedimiento según la invención, el casete de expresión o constructo o vector son, en principio, ventajosamente todas las plantas que son capaces de sintetizar los polipéptidos usados en el procedimiento de la invención.

Una planta transgénica para los fines de la invención se entiende, por lo tanto, que significa, como anteriormente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento de la invención no están en su locus natural en el genoma de dicha planta, siendo posible que los ácidos nucleicos se expresen de forma homóloga o heteróloga. No obstante, como se ha mencionado, transgénico también significa que mientras los ácidos nucleicos según la invención o usados en el procedimiento de la invención estén en su posición natural en el genoma de una planta, la secuencia se ha modificado con respecto a la secuencia natural y/o que las secuencias reguladoras de las secuencias naturales se han modificado. Se entiende, preferentemente, que transgénico significa la expresión de los ácidos nucleicos según la invención en un locus no natural del genoma, es decir tiene lugar una expresión homóloga o, preferentemente, heteróloga de los ácidos nucleicos. En el presente documento se mencionan plantas transgénicas preferentes.

La invención también se extiende a partes recolectables de una plantas tales como, pero sin limitación, semillas, hojas, frutos, flores, tallos, rizomas, tubérculos y bulbos. Las partes recolectables comprenden un constructo tal como se define en la reivindicación 7. La divulgación se refiere además a productos derivados, preferentemente derivados directamente, de una parte recolectable de dicha planta, tal como gránulos secos o polvos, aceite, grasa y ácidos grasos, almidón o proteínas.

La expresión modulada es una expresión aumentada. Los procedimientos para aumentar la expresión de ácidos nucleicos o genes, o productos génicos, están bien documentados en la técnica e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión dirigida por promotores apropiados, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de la traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como elementos promotores o potenciadores pueden introducirse en una posición adecuada (normalmente cadena arriba) de una forma no heteróloga de un polinucleótido para regular al alza la expresión. Por ejemplo, los promotores endógenos pueden modificarse *in vivo* por mutación, delección y/o sustitución (véase Kmiec, patente de Estados Unidos N° 5.565.350; Zarling y col., PCT/US93/03868), o pueden introducirse promotores aislados en una célula vegetal en la orientación y a la distancia apropiadas a partir de un gen de la presente invención para controlar la expresión del gen.

Si se desea la expresión de un polipéptido, es generalmente deseable incluir una región de poliadenilación en el extremo 3' de una región codificante de polinucleótidos. La región de poliadenilación puede estar derivada del gen natural, de una diversidad de otros genes vegetales o de ADN-T. La secuencia del extremo 3' que se va a añadir puede derivarse de, por ejemplo, los genes de nopalina sintasa u octopina sintasa, o como alternativa de otro gen vegetal, o menos preferentemente de cualquier otro gen eucariota.

Puede usarse también una secuencia de intrón tal como se ha descrito anteriormente.

Otras secuencias de control (aparte de secuencias de promotor, potenciador, silenciador, intrón, regiones 3'UTR y/o 5'UTR, sitios diana de micro-ARN) pueden ser proteínas y/o elementos estabilizantes de ARN.

Tal como se ha mencionado anteriormente, un procedimiento preferente para aumentar la expresión de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III es introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III; no obstante, los efectos de la realización del procedimiento, es decir, la potenciación de rasgos relacionados con el rendimiento, también pueden lograrse usando otras técnicas bien conocidas. A continuación se ofrecerá una descripción de algunas de estas técnicas.

Una de dichas técnicas es el etiquetado de activación de ADN-T (Hayashi u col. Science (1992) 1350-1353), que implica la inserción de ADN-T, que habitualmente contiene un promotor (también puede ser un potenciador de la traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 kb cadena arriba o cadena abajo de la región codificante de un gen en una configuración de modo que el promotor dirija la expresión del gen diana. Normalmente, la regulación de la expresión del gen diana por su promotor natural se interrumpe y el gen cae bajo el control del promotor introducido recientemente. El promotor, normalmente, está embebido en un ADN-T. Este ADN-T se inserta

aleatoriamente en el genoma de la planta, por ejemplo a través de infección con *Agrobacterium* y produce la expresión modificada de genes cerca del ADN-T insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debido a la expresión modificada de genes cercanos al promotor introducido.

Los efectos de la invención también pueden reproducirse usando la técnica de TILLING (*Targeted Induced Local Lesions In Genomes* (Lesiones locales inducidas de forma dirigida en genomas)). Esta es una tecnología de mutagenesis útil para generar y/o identificar un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III con expresión y/o actividad modificada. El TILLING también permite la selección de plantas que portan dichas variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden mostrar una expresión modificada, bien en fuerza, bien en localización o bien en el tiempo (si las mutaciones afectan al promotor, por ejemplo). Estas variantes mutantes pueden mostrar actividad de proteína TPP de clase III superior a la que mostrada por el gen en su forma natural. El TILLING combina mutagenesis de alta densidad con procedimientos de cribado de alto rendimiento. Las etapas que se siguen normalmente en el TILLING con: (a) mutagenesis EMS (Redei GP y Koncz C (1992) en *Methods in Arabidopsis Research*, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapur, World Scientific Publishing Co, páginas 16-82; Feldmann y col., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, *Arabidopsis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, páginas 137-172; Lightner J y Caspar T (1998) en J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, *Methods on Molecular Biology*, Vol. 82. Humana Press, Totowa, NJ, páginas 91-104); (b) preparación y agrupamiento de ADN de individuos; (c) amplificación por PCR de una región de interés; (d) desnaturalización e hibridación para permitir la formación de heterodúplex; (e) DHPLC, en la que la presencia de un heterodúplex en un grupo se detecta como un pico extra en el cromatograma; (f) identificación del mutante individual y (g) secuenciación del producto de PCR mutante. Los procedimientos de TILLING son bien conocidos en la técnica (McCallum y col., (2000) *Nat Biotechnol* 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) *Nat Rev Genet* 5(2): 145-50).

Los efectos de la invención también pueden reproducirse usando recombinación de homólogos, que permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado en una posición seleccionada definida. La recombinación de homólogos es una tecnología estándar usada rutinariamente en ciencias biológicas para organismos inferiores tales como levaduras o el moho *Physcomitrella*. Los procedimientos de realización de recombinación de homólogos en plantas se han descrito no solo para plantas modelo (Offringa y col. (1990) *EMBO J* 9(10): 3077-84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo arroz (Terada y col. (2002) *Nat Biotech* 20(10): 1030-4; Iida y Terada (2004) *Curr Opin Biotech* 15(2): 132-8).

La referencia en el presente documento a rasgos relacionados con el rendimiento potenciados se toma de modo que signifique un aumento en la biomasa (peso) de una o más partes de una planta, que pueden incluir partes aéreas (recolectables) y/o partes subterráneas (recolectables).

En particular, dichas partes recolectables son semillas y la realización de los procedimientos de la invención da como resultado plantas que tienen un rendimiento de semilla aumentado con respecto al rendimiento de semilla de plantas de control adecuadas.

El término "rendimiento" significa en general una producción medible de valor económico, relacionada necesariamente con un cultivo específico, con una superficie de cultivo y con un periodo de tiempo. Las partes de plantas individuales contribuyen directamente al rendimiento en base a su número, tamaño y/o peso, mientras que el rendimiento real es el rendimiento por superficie para un cultivo y año, que se determina dividiendo la producción total (incluida tanto la producción recolectada como la evaluada) por la superficie de cultivo.

Los términos y expresiones "aumenta", "que mejora" o "mejora" se usan indistintamente y significarán en el sentido de la solicitud al menos el 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o 10 %, preferentemente al menos el 15 % o el 20 %, más preferentemente el 25 %, 30 %, 35 % o el 40 % más de rendimiento y/o crecimiento en comparación con la planta de tipo silvestre tal como se define en el presente documento.

El rendimiento de semilla aumentado puede manifestarse como uno o más de los siguientes: a) un aumento de biomasa de la semilla (peso total de la semilla) que puede ser en base a la semilla individual y/o por planta y/o por superficie de cultivo; b) número aumentado de flores por planta; c) número aumentado de semillas (llenas); d) tasa de llenado aumentada de la semilla (que se expresa como la relación entre el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas); e) índice de cosecha aumentado, que se expresa como la relación del rendimiento de partes recolectables, tales como semillas, dividido por la biomasa total, y f) peso de mil granos (PMG) aumentado, que se extrapola a partir del número de semillas llenas contadas y su peso total. Un PMG aumentado puede ser el resultado de un tamaño de la semilla y/o un peso de la semilla aumentados, y puede ser resultado también de un aumento en el tamaño del embrión y/o del endosperma.

Un aumento en el rendimiento de semilla también puede manifestarse como un aumento del tamaño de semilla y/o del volumen de la semilla. Además, un aumento del rendimiento de semilla también puede manifestarse por sí mismo como un aumento del área superficial de la semilla y/o la longitud de la semilla y/o la anchura de la semilla y/o el perímetro de la semilla.

Tomando el maíz como ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse como uno o más de los siguientes: aumento en el número de plantas establecidas por superficie de cultivo, aumento en el número de

espigas por planta, aumento en el número de filas, número de granos por fila, peso del grano, peso de mil granos, longitud/diámetro de la espiga, aumento de la tasa de llenado de semilla (que es el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100), entre otros. Tomando el arroz como ejemplo, un aumento en el rendimiento puede manifestarse por sí mismo en uno o más de los siguientes: número de plantas por superficie de cultivo, número de mazorcas por planta, número de espiguillas por mazorca, número de flores (flósculos) por mazorca (que se expresa como la relación del número de semillas llenas con respecto al número de mazorcas primarias), aumento de la tasa de llenado de la semilla (que es el número de semillas llenas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100), aumento en peso de mil granos, entre otros.

Dado que las plantas transgénicas según la presente invención tienen un rendimiento aumentado, es probable que estas plantas muestren una tasa de crecimiento aumentada (durante al menos una parte de su ciclo de vida), con respecto a la tasa de crecimiento de plantas de control en un estadio correspondiente de su ciclo de vida. La tasa de crecimiento aumentada puede ser específica de una o más partes de una planta (incluidas semillas), o puede ser en sustancialmente toda la planta. Las plantas que tienen una tasa de crecimiento aumentada pueden tener un ciclo de vida más corto. El ciclo de vida de una planta puede tomarse de modo que signifique el tiempo necesario para crecer a partir de una semilla madura seca hasta el estadio en el que la planta ha producido semillas maduras secas, similares al material de partida. Este ciclo de vida puede estar influenciado por factores tales como vigor temprano, tasa de crecimiento, índice de verdor, tiempo de floración y velocidad de maduración de la semilla. El aumento en la tasa de crecimiento puede tener lugar en uno o más estadios del ciclo de vida de una planta o durante sustancialmente todo el ciclo de vida de la planta. Una tasa de crecimiento aumentada durante los estadios tempranos del ciclo de vida de una planta puede reflejar un vigor potenciado. El aumento de la tasa de crecimiento puede alterar el ciclo de cosecha de una planta, permitiendo que las plantas se siembren más tarde y/o se recolecten más pronto que lo que sería posible de otro modo (un efecto similar puede obtenerse con un tiempo de floración más temprano). Si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de planta (por ejemplo, la siembra y la recolección de plantas de arroz seguidas por la siembra y la recolección de plantas de arroz adicionales todo dentro de un periodo de crecimiento convencional). De forma similar, si la tasa de crecimiento se aumenta suficientemente, puede permitir la siembra adicional de semillas de diferentes especies de plantas (por ejemplo, la siembra y la recolección de plantas de maíz seguidas por, por ejemplo, la siembra y la recolección opcional de soja, patata o cualquier otra planta adecuada). Los tiempos adicionales de recolección para el mismo rizoma en el caso de algunas plantas de cultivo también es posible. Alterar un ciclo de cosecha de una planta puede provocar un aumento en la producción de biomasa anual por superficie de cultivo (debido a un aumento en el número de periodos (es decir, en un año) que cualquier planta particular se puede cultivar y recolectar). Un aumento en la tasa de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en un área geográfica más amplia que sus homólogos de tipo silvestre, dado que las limitaciones territoriales para cultivar un cultivo se determinan a menudo por condiciones ambientales adversas bien en el momento de plantar (estación temprana) o en el momento de la recolección (estación tardía). Dichas condiciones adversas pueden evitarse si el ciclo de vida se acorta. La tasa de crecimiento puede determinarse derivando diversos parámetros a partir de curvas de crecimiento, pudiendo ser dichos parámetros: T-Medio (el tiempo que precisan las plantas para alcanzar el 50 % de su tamaño máximo) y T-90 (tiempo que precisan las plantas para alcanzar el 90 % de su tamaño máximo), entre otros.

La realización de los procedimientos de la invención proporciona plantas que tienen una tasa de crecimiento aumentada con respecto a plantas de control. Por lo tanto, según la presente invención, se proporciona un procedimiento para aumentar la tasa de crecimiento de plantas, procedimiento que comprenden modular la expresión, preferentemente aumentar la expresión, en una planta de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III tal como se define en el presente documento.

Un aumento en el rendimiento y/o la tasa de crecimiento tiene lugar si la planta no está en condiciones de estrés o si la planta se expone a varios tipos de estrés en comparación con las plantas de control. Las plantas normalmente responden a la exposición al estrés con un crecimiento más lento. En condiciones de estrés agudo, la planta puede incluso detener su crecimiento por completo. En el presente documento se define estrés leve, por otra parte, como cualquier tipo de estrés al que se expone la planta que no tiene como consecuencia que la planta cese de crecer por completo sin la capacidad de reanudar su crecimiento. Un estrés leve en el sentido de la invención provoca una reducción en el crecimiento de las plantas estresadas de menos del 40 %, 35 % o el 30 %, preferentemente menos del 25 %, 20 % o el 15 %, más preferentemente menos del 14 %, 13 %, 12 %, 11 % o 10 % o menos en comparación con la planta de control en condiciones de no estrés. Debido a avances en prácticas agrícolas (irrigación, fertilización, tratamientos con plaguicidas), los tipos de estrés agudos no se encuentran a menudo en plantas de cultivo cultivadas. Como consecuencia, el crecimiento comprometido inducido por estrés leve es a menudo una característica no deseada para la agricultura. El estrés leve es el estrés biótico y/o abiótico (ambiental) al que está expuesta la planta. El estrés abiótico puede deberse a sequía o agua en exceso, estrés anaerobio, estrés salino, toxicidad química, estrés oxidativo y temperaturas cálidas, frías o heladas. El estrés abiótico puede ser un estrés osmótico provocado por un estrés al agua (particularmente debido a sequía), estrés salino, estrés oxidativo o un estrés iónico. El estrés biótico es normalmente un estrés provocado por organismos patógenos, tales como bacterias, virus, hongos e insectos. Otro estrés abiótico puede ser consecuencia de una deficiencia de nutrientes, tal como un déficit de nitrógeno, fósforo y potasio.

En particular, los procedimientos de la presente invención pueden realizarse en condiciones de no estrés o en condiciones de sequía leve dando plantas que tienen un rendimiento aumentado con respecto a las plantas de control. Como informan Wang y col. (Planta (2003) 218: 1-14), el estrés abiótico produce una serie de cambios morfológicos, fisiológicos, bioquímicos y moleculares que afectan de forma adversa al crecimiento y a la productividad de la planta. Se sabe que la sequía, la salinidad, las temperaturas extremas y el estrés oxidativo están interconectados y pueden inducir daño en el crecimiento y daño celular a través de mecanismos similares. Rabanni y col. (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) describe un grado particularmente de "interferencia" entre el estrés por sequía y el estrés por salinidad alta. Por ejemplo, la sequía y/o la salinización se manifiestan principalmente como estrés osmótico, dando como resultado la interrupción de la homeostasis y la distribución de iones en la célula. El estrés oxidativo, que acompaña frecuentemente al estrés por temperaturas altas o bajas, salinidad o sequía, puede provocar la desnaturalización de proteínas funcionales y estructurales. Como consecuencia, estos diversos tipos de estrés ambiental activan a menudo vías de señalización celulares y respuestas celulares similares, tales como la producción de proteínas de estrés, la regulación al alza de antioxidantes, la acumulación de solutos compatibles y la detención del crecimiento. La expresión condiciones de "no estrés", tal como se usa en el presente documento, son las condiciones ambientales que permiten un crecimiento óptimo de plantas. El experto en la técnica es consciente de las condiciones normales del suelo y de las condiciones climáticas de una ubicación determinada.

La realización de los procedimientos de la invención proporciona plantas cultivadas en condiciones de no estrés o en condiciones de sequía leve con rendimiento aumentado con respecto a plantas de control adecuadas en condiciones comparables. Por lo tanto, según la presente invención, se proporciona un procedimiento para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento de semilla tal como se define en la reivindicación 1 en plantas cultivadas en condiciones de no estrés o en condiciones de sequía leve, procedimientos que comprenden aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III tal como se define en la reivindicación 1.

El rasgo relacionado con el rendimiento potenciado se manifiesta como un aumento en uno o más de los siguientes: número total de semillas por planta, número de semillas llenas por planta y peso de semillas por planta. Preferentemente, estos aumentos se encuentran en plantas cultivadas en condiciones de no estrés.

Los procedimientos de la invención se pueden aplicar ventajosamente a cualquier planta.

El término "planta", tal como se usa en el presente documento abarca plantas completas, ancestros y progenie de las plantas y partes de plantas, que incluyen semillas, brotes, tallos, hojas, raíces (incluidos tubérculos), flores y tejidos y órganos, en la que cada uno de los mencionados anteriormente comprenden el gen/ácido nucleico de interés. El término "planta" también abarca células vegetales, cultivos en suspensión, tejido calloso, embriones, regiones meristemáticas, gametofitos, esporofitos, polen y microesporas, de nuevo en la que los mencionados anteriormente comprenden el gen/ácido nucleico de interés.

Las plantas que son particularmente útiles en los procedimientos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia Viridiplantae, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas que incluyen forraje y leguminosas forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimentarios, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agropyron* spp., *Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp., *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (por ejemplo, *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Benincasa hispida*, *Bertholletia excelsa*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (por ejemplo, *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [canola, colza, nabo]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrullus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Colocasia esculenta*, *Cola* spp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus sativus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinochloa* spp., *Elaeis* (por ejemplo, *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Eriobotrya japonica*, *Eugenia unitlora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (por ejemplo, *Glycine max*, *Soja hispida* o *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (por ejemplo, *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (por ejemplo, *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (por ejemplo, *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanthus* spp., *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp. (por ejemplo, *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phaseolus* spp., *Phoenix* spp., *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*, *Rubus* spp., *Saccharum* spp., *Sambucus* spp., *Secale cereale*, *Sesamum* spp., *Sinapis* sp., *Solanum* spp. (por ejemplo, *Solanum tuberosum*, *Solanum integrifolium* o *Solanum lycopersicum*), *Sorghum bicolor*, *Spinacia* spp., *Syzygium* spp., *Tagetes* spp., *Tamarindus indica*, *Theobroma cacao*, *Trifolium* spp., *Triticosecale rimpai*, *Triticum* spp. (por ejemplo, *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum* or *Triticum vulgare*), *Tropaeolum minus*, *Tropaeolum*

majus, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vigna* spp., *Viola odorata*, *Vitis* spp., *Zea mays*, *Zizania palustris*, *Ziziphus* spp., entre otros.

Según una realización preferente de la presente invención, la planta es una planta de cultivo. Los ejemplos de plantas de cultivo incluyen soja, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, patata y tabaco. Más preferentemente, la planta es una planta monocotiledónea. Los ejemplos de plantas monocotiledóneas incluyen caña de azúcar. Más preferentemente, la planta es un cereal. Los ejemplos de cereales incluyen arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo y avena.

La presente invención también abarca el uso de ácidos nucleicos que codifican la proteína TPP de clase III descrita en el presente documento y el uso de estas proteínas TPP de clase III para potenciar rasgos relacionados con el rendimiento en plantas.

Los ácidos nucleicos que codifican la proteína TPP de clase III descrita en el presente documento, o las proteínas TPP de clase III por sí mismas, pueden usarse en programas de cultivo en los que se identifica un marcador de ADN que puede unirse genéticamente a un gen que codifica una TPP de clase III. Los ácidos nucleicos/genes, o las proteínas TPP de clase III mismas, pueden usarse para definir un marcador molecular. Este marcador de ADN o de proteínas puede usarse después en programas de reproducción para seleccionar plantas que tengan rasgos relacionados con el rendimiento potenciados tal como se definen en el presente documento en los procedimientos de la invención.

Las variantes alélicas de un ácido nucleico/gen que codifica una proteína TPP de clase III también pueden usarse en programas de reproducción asistidos por marcador. Dichos programas de reproducción requieren a veces la introducción de variación alélica por tratamiento mutagénico de las plantas, usando, por ejemplo, mutagénesis EMS; alternativamente, el programa puede comenzar con una colección de variantes alélicas de origen denominado "natural" producida de forma no intencionada. La identificación de variantes alélicas tiene lugar después, por ejemplo, por PCR. Esta operación está seguida por una etapa por la selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que proporciona un rendimiento aumentado. La selección se lleva a cabo normalmente realizando un seguimiento del rendimiento del crecimiento de las plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión. Puede realizarse un seguimiento del crecimiento en un invernadero o en el campo. Otras etapas opcionales incluyen el cruzamiento de plantas en el que la variante alélica superior se identifica con otra planta. Esto podría usarse, por ejemplo, para hacer una combinación de características fenotípicas interesantes.

Los ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III también pueden usarse como sondas para cartografiar genética y físicamente los genes que son parte de, y como marcadores para rasgos asociados a estos genes. Dicha información puede ser útil en la reproducción de plantas para desarrollar líneas con fenotipos deseados. Dicho uso de ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III requiere solo una secuencia de ácidos nucleicos de al menos 15 nucleótidos de longitud. Los ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III pueden usarse como marcadores de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP). Pueden realizarse inmunotransferencias Southern (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de ADN genómico de plantas digeridas por restricción con los ácidos nucleicos que codifican proteínas TPP de clase III. Los patrones de banda resultantes pueden someterse después a análisis genéticos usando programas informáticos tales como MapMaker (Lander y col. (1987) Genomics 1: 174-181) para construir un mapa genético. Además, los ácidos nucleicos pueden usarse para realizar inmunotransferencias Southern que contienen ADN genómicos tratados con endonucleasas de restricción de una serie de individuos que representan a los progenitores y a la progenie de un cruce genético definido. La segregación de polimorfismos de ADN se observa y se usa para calcular la posición del ácido nucleico que codifica proteína TPP de clase III en el mapa genético obtenido previamente usando esta población (Botstein y col. (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

La producción y el uso de sondas derivadas de genes vegetales para su uso en mapeo genético se describe por Bematzky y Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicaciones describen el mapeo genético de clones de ADNc específicos usando la metodología mencionada anteriormente o variaciones de la misma. Por ejemplo, pueden usarse poblaciones de intercrucamiento F2, poblaciones de retrocruzamiento, poblaciones apareadas aleatoriamente, líneas isogénicas cercanas y otros conjuntos de individuos para el mapeo. Dichas metodologías son bien conocidas por los expertos en la técnica.

Las sondas de ácidos nucleicos también pueden usarse para el mapeo físico (es decir, disposición de secuencias en mapas físicos; véase Hoheisel y col. En: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic press 1996, páginas 319-346, y referencias citadas en el mismo).

En otra realización, las sondas de ácidos nucleicos pueden usarse en el mapeo directo de hibridación *in situ* con fluorescencia (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Aunque los procedimientos actuales de mapeo por FISH favorecen el uso de clones grandes (varias kb a varias cientos de kb; véase Laan y col. (1995) Genome Res. 5:13-20), las mejoras en sensibilidad pueden permitir la realización del mapeo por FISH usando sondas más cortas.

Pueden llevarse a cabo procedimientos basados en la amplificación de ácidos nucleicos para el mapeo genético y físico usando los ácidos nucleicos. Los ejemplos incluyen amplificación específica de alelo (Kazazian (1989) J. Lab.

Clin. Med 11:95-96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield y col. (1993) Genomics 16:325-332), ligamiento específico de alelo (Landegren y col. (1988) Science 241:1077-1080), reacciones de extensión de nucleótidos (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18:3671), mapeo híbrido por radiación (Walter y col. (1997) Nat. Genet. 7:22-28) y mapeo Happy (Dear y Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17:6795-6807). Para estos procedimientos se usa la secuencia de un ácido nucleico para diseñar y producir pares de cebadores para su uso en la reacción de amplificación o en reacciones de extensión de cebador. El diseño de dichos cebadores es bien conocido por los expertos en la técnica. En procedimientos que usan mapeo genético basado en PCR, puede ser necesario identificar diferencias de secuencia de ADN entre los progenitores del cruce de mapeo en la región correspondiente a la secuencia de ácidos nucleicos inmediatos. No obstante, esto generalmente no es necesario para procedimientos de mapeo.

Los procedimientos según la presente invención dan como resultado plantas que tienen rasgos relacionados con el rendimiento potenciados, tal como se ha descrito anteriormente en el presente documento. Estos rasgos también pueden combinarse con otros rasgos económicamente ventajosos, tales como rasgos potenciadores del rendimiento adicionales, tolerancia a otros tipos de estrés abióticos y bióticos, rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

Descripción de las figuras

La **Fig. 1** es una representación esquemática de los elementos estructurales presentes en polipéptidos TPP de clase III. La posición de los elementos característicos: se indican dominio de trehalosa fosfato fosfatasa, CAJA A y CAJA B de fosfatasa y dominio rico en serina.

La **Fig. 2** es un alineamiento de secuencia y un árbol filogenético de polipéptidos TPS/TPP tal como se describen en el Ejemplo 2. La figura 2A muestra un árbol filogenético de polipéptidos TPS/TPP. Los clados encerrados en el óvalo contienen proteínas TPS de clase I y de clase II. Las proteínas TPP de clase III (dentro del rectángulo) se agrupan aparte del grupo TPS de clase I y de clase II. La figura 2B muestra un alineamiento de polipéptidos TPP de clase III de origen vegetal. La región del dominio de trehalosa-PP está resaltada en negrita. La posición de la región rica en serina y de las cajas de fosfatasa A y B están resaltadas por un rectángulo. La figura 2C muestra un árbol filogenético de polipéptidos TPP de clase III de origen no vegetal. La figura 2D muestra un alineamiento de polipéptidos TPP de clase III de origen no vegetal.

La **Fig. 3** es un alineamiento de dominios de trehalosa-PP encontrado en polipéptido TPP de clase III.

La **Fig. 4** muestra actividad de TPP medida por HPLC. El primer gráfico de la Fig. 4A corresponde a la muestra de control pGEX; el segundo gráfico de la Fig. 4B corresponda a la muestra de TPPI.

La **Fig. 5** es un diagrama de barras que muestra la cuantificación de la actividad de TPP detectada por HPLC para la muestra de control, pGEX y para la muestra de TPP.

La **Fig. 6** muestra la complementación del defecto de crecimiento en la cepa de levadura YSH448 (tps2A) por polipéptidos TPP de clase III de *Arabidopsis thaliana*. La fotografía de la Fig. 6A corresponde a una placa de un ensayo Drop a 30 °C, que muestra que todas las cepas eran viables a la temperatura no restrictiva. La Fig. 6B muestra una placa a 37 °C, que muestra que solo cepas transformadas con un polinucleótido TPP de clase III crecen bien a la temperatura restrictiva de 37 °C. La Fig. 6C muestra una placa de un ensayo Drop a 39 °C.

Fig. 7: Vector binario para la expresión aumentada en *Oryza sativa* de un ácido nucleico que codifica proteínas TPP de clase III de *Arabidopsis thaliana* bajo el control de un promotor GOS2.

Fig. 8: Listado de secuencias.

Ejemplos

La presente invención se describirá ahora con referencia a los ejemplos siguientes, que se presentan solo a modo de ilustración. Los ejemplos siguientes no pretenden definir completamente o limitar de otro modo el alcance de la invención.

Ejemplo 1: Identificación de secuencias relacionadas con SEC ID N°: 1 y SEC ID N°: 2

Se identificaron secuencias (ADNc de longitud completa, EST o genómicas) relacionadas con SEC ID N°: 1 y/o secuencias de proteínas relacionadas con SEC ID N°: 2 entre las conservadas en la base de datos Entrez Nucleotides en el National Center for Biotechnology Information (NCBI) usando herramientas de búsqueda de secuencias de bases de datos, tales como la herramienta de alineamiento local básico (BLAST) (Altschul y col. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-410; y Altschul y col. (1997) Nucleic Acids Res. 25:3389-3402). El programa se usó para encontrar regiones de similitud local entre secuencias comparando secuencias de ácidos nucleicos o de polipéptidos con bases de datos de secuencias y calculando la significancia estadística de las coincidencias. El polipéptido codificado por SEC ID N°: 1 se usó para el algoritmo TBLASTN, con ajustes por defecto y el filtro para ignorar las secuencias de baja complejidad activadas. El resultado del análisis se observó por comparación por pares y se

clasificó según la clasificación de probabilidad (valor de E), en el que la clasificación refleja la probabilidad de que un alineamiento particular tenga lugar por casualidad (cuando menor sea el valor de E, más significativo será el acierto). Además de los valores de E, las comparaciones también se clasificaron por porcentaje de identidad. El porcentaje de identidad de secuencia se refiere al número de nucleótidos (o aminoácidos) idénticos entre las dos secuencias de ácidos nucleicos (o polipéptidos) comparadas a lo largo de una longitud particular. En algunos casos, los parámetros por defecto se ajustaron para modificar la rigurosidad de la búsqueda.

La Tabla A proporciona una lista de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos representado por SEC ID N°: 1 y la secuencia de proteínas representada por SEC ID N°: 2.

Tabla A: Secuencias de ácidos nucleicos relacionadas con la secuencia de ácidos nucleicos representada por SEC ID N°: 1 útiles en los procedimientos de la presente invención y los polipéptidos deducidos correspondientes. Para cada secuencia el número de acceso de la base de datos se proporciona bien la proteína o bien el ácido nucleico que codifica dicha proteína.

Denominación	Organismo fuente	NT/PROT	SEC ID N°:	Número de acceso de la base de datos	Estado
>SEC ID N°: 2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	1	NA	Longitud completa
>SEC ID N°: 2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	2	NA	Longitud completa
>Ta_contig10083@1008	<i>Triticum aestivum</i>	nt	3	NA	Longitud completa
>Ta_contig10083@1008	<i>Triticum aestivum</i>	PROT	4	NA	Longitud completa
>Gm_contig16565	<i>Glycine max</i>	nt	5	NA	Longitud completa
>Gm_contig16565	<i>Glycine max</i>	PROT	6	NA	Longitud completa
>TAG_Contig-7-M6b1	<i>Tagetes ssp</i>	nt	7	NA	Longitud completa
>TAG_Contig-7-M6b1	<i>Tagetes ssp</i>	PROT	8	NA	Longitud completa
>AT1G22210	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	9	AT1G22210	Longitud completa
>AT1G22210	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	10	AT1G22210	Longitud completa
>AT1G35910	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	11	AT1G35910	Longitud completa
>AT1G35910	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	12	AT1G35910	Longitud completa
>AT1G78090	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	13	AT1G78090	Longitud completa
>AT1G78090	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	14	AT1G78090	Longitud completa
>AT2G22190	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	15	AT2G22190	Longitud completa
>AT2G22190	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	16	AT2G22190	Longitud completa
>AT4G 12430	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	17	AT4G12430	Longitud completa
>AT4G12430	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	18	AT4G12430	Longitud completa
>AT4G22590	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	19	AT4G22590	Longitud completa
>AT4G22590	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	20	AT4G22590	Longitud completa
>At4g39770	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	21	At4g39770	Longitud completa
>At4g39770	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	22	At4g39770	Longitud completa

(continuación)

Denominación	Organismo fuente	NT/PROT	SEC ID N°:	Número de acceso de la base de datos	Estado
>AT5G10100	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	23	AT5G10100	Longitud completa
>AT5G10100	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	24	AT5G10100	Longitud completa
>AT5G51460	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	25	AT5G51460	Longitud completa
>AT5G51460	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	26	AT5G51460	Longitud completa
>AT5G65140	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nt	27	AT5G65140	Longitud completa
>AT5G65140	<i>Arabidopsis thaliana</i>	PROT	28	AT5G65140	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_II.875	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	29	pOP-lcl scaff_II.875	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_II.875	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	30	pOP-lcl scaff_II.875	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_V.739	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	31	pOP-lcl scaff_V.739	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_V.739.	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	32	pOP-lcl scaff_V.739	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_VII.559	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	33	pOP-lcl scaff_VII.559	Longitud completa
>pOP-lcl scaff_VII.559	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	34	pOP-lcl scaff_VII.559	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_127.52	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	35	pOP-llcl scaff_127.52	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_127.52	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	36	pOP-llcl scaff_127.52	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_III.843	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	37	pOP-llcl scaff-III.843	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_III.843	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	38	pOP-llcl scaff_III.843	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_V.167	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	39	pOP-llcl scaff_V.167	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_V.167	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	40	pOP-llcl scaff_V.167	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_XII.1254	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	41	pOP-llcl scaff_XII.1254	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_XII.1254	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	42	pOP-llcl scaff_XII.1254	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_XV.1052	<i>Populus trichocarpa</i>	nt	43	pOP-llcl scaff_XV.1052	Longitud completa
>pOP-llcl scaff_XV.1052	<i>Populus trichocarpa</i>	PROT	44	pOP-llcl scaff_XV.1052	Longitud completa
>Os02g0661100	<i>Oryza sativa</i>	nt	45	Os02g0661100	Longitud completa
>Os02g0661100	<i>Oryza sativa</i>	PROT	46	Os02g0661100	Longitud completa
>Os02g0753000	<i>Oryza sativa</i>	nt	47	Os02g0753000	Longitud completa
>Os02g0753000	<i>Oryza sativa</i>	PROT	48	Os02g0753000	Longitud completa
>Os03g0386500	<i>Oryza sativa</i>	nt	49	Os03g0386500	Longitud completa
>Os03g0386500	<i>Oryza sativa</i>	PROT	50	Os03g0386500	Longitud completa

(continuación)

Denominación	Organismo fuente	NT/PROT	SEC ID N°:	Número de acceso de la base de datos	Estado
>Os06g0222100	<i>Oryza sativa</i>	nt	51	Os06g0222100	Longitud completa
>Os06g0222100	<i>Oryza sativa</i>	PROT	52	Os06g0222100	Longitud completa
>Os07g0485000	<i>Oryza sativa</i>	nt	53	Os07g0485000	Longitud completa
>Os07g0485000	<i>Oryza sativa</i>	PROT	54	Os07g0485000	Longitud completa
>Os07g0624600	<i>Oryza sativa</i>	nt	55	Os07g0624600	Longitud completa
>Os07g0624600	<i>Oryza sativa</i>	PROT	56	Os07g0624600	Longitud completa
>Os09g0369400	<i>Oryza sativa</i>	nt	57	Os09g0369400	Longitud completa
>Os09g0369400	<i>Oryza sativa</i>	PROT	58	Os09g0369400	Longitud completa
>Os10g0553300	<i>Oryza sativa</i>	nt	59	Os10g0553300	Longitud completa
>Os10g0553300	<i>Oryza sativa</i>	PROT	60	Os10g0553300	Longitud completa
>Aquilegia_TC11239	<i>Aquilegia ssp</i>	nt	61	Aquilegia_TC11239	Longitud completa
>Aquilegia_TC11239	<i>Aquilegia ssp</i>	PROT	62	Aquilegia_TC11239	Longitud completa
>Aquilegia_TC17706	<i>Aquilegia ssp</i>	nt	63	Aquilegia_TC17706	Longitud completa
>Aquilegia_TC17706	<i>Aquilegia ssp</i>	PROT	64	Aquilegia_TC17706	Longitud completa
>Bc_Q4AC11	<i>Brassica campestris</i>	nt	65	Bc_Q4AC11	Longitud completa
>Bc_Q4AC11	<i>Brassica campestris</i>	PROT	66	Bc_Q4AC11	Longitud completa
>Br_Q4ABQ9	<i>Brassica rapa</i>	nt	67	Br_Q4ABQ9	Longitud completa
>Br_Q4ABQ9	<i>Brassica rapa</i>	PROT	68	Br_Q4ABQ9	Longitud completa
>Gh_TC35369	<i>Gossypium_hirsutum</i>	nt	69	Gh_TC35369	Longitud completa
>Gh_TC35369	<i>Gossypium_hirsutum</i>	PROT	70	Gh_TC35369	Longitud completa
>Hv_TC139314	<i>Hordeum vulgare</i>	nt	71	HV_TC139314	Longitud completa
>Hv_TC139314	<i>Hordeum vulgare</i>	PROT	72	HV_TC139314	Longitud completa
>Mt_TC108059	<i>Medicago_truncatula</i>	nt	73	Mt_TC108059	Longitud completa
>Mt_TC108059	<i>Medicago_truncatula</i>	PROT	74	Mt_TC108059	Longitud completa
>Mt_TC108097	<i>Medicago_truncatula</i>	nt	75	Mt_TC108097	Longitud completa
>Mt_TC108097	<i>Medicago_truncatula</i>	PROT	76	Mt_TC108097	Longitud completa
>Nb_TC7464	<i>Nicotiana benthamiana</i>	nt	77	Nb_TC7464	Longitud completa
>Nb_TC7464	<i>Nicotiana benthamiana</i>	PROT	78	Nb_TC7464	Longitud completa

(continuación)

Denominación	Organismo fuente	NT/PROT	SEC ID N°:	Número de acceso de la base de datos	Estado
>Nt_Q3ZTF5	<i>Nicotiana tabacum</i>	nt	79	nt_Q3ZTF5	Longitud completa
>Nt_Q3ZTF5	<i>Nicotiana tabacum</i>	PROT	80	nt_Q3ZTF5	Longitud completa
>Nt_TC7310	<i>Nicotiana tabacum</i>	nt	81	nt_TC7310	Longitud completa
>Nt_TC7310	<i>Nicotiana tabacum</i>	PROT	82	nt_TC7310	Longitud completa
>Sb_TC17204	<i>Sorghum bicolor</i>	nt	83	Sb_TC17204	Longitud completa
>Sb_TC17204	<i>Sorghum bicolor</i>	PROT	84	Sb_TC17204	Longitud completa
>St_TC151769	<i>Solanum tuberosum</i>	nt	85	St_TC151769	Longitud completa
>St_TC151769	<i>Solanum tuberosum</i>	PROT	86	St_TC151769	Longitud completa
>Ta_TC252250	<i>Triticum aestivum</i>	nt	87	Ta_TC252250	Longitud completa
>Ta_TC252250	<i>Triticum aestivum</i>	PROT	88	Ta_TC252250	Longitud completa
>Zm_ABD92779	<i>Zea mays</i>	nt	89	Zm_ABD92779	Longitud completa
>Zm_ABD92779	<i>Zea mays</i>	PROT	90	Zm_ABD92779	Longitud completa
>Zm_ABD92780	<i>Zea mays</i>	nt	91	Zm_ABD92780	Longitud completa
>Zm_ABD92780	<i>Zea mays</i>	PROT	92	Zm_ABD92780	Longitud completa
NA: No se aplica. No encontrado en bases de datos públicas nt: secuencia de nucleótidos PROT: secuencia de proteínas					

Ejemplo 2: Alineamiento de secuencias de polipéptidos TPP de clase III

5 El alineamiento de secuencias de polipéptidos TPP de clase III se realizó usando el programa AlignX a partir del vector NTI (Invitrogen) y se basa en el popular algoritmo de Clustal de alineamiento progresivo (Thompson y col. (1997) Nucleic Acids Res 25:4876-4882; Chenna y col. (2003). Nucleic Acids Res 31:3497-3500). Se contruyó un árbol filogenético usando un algoritmo de agrupamiento de unión a vecino, usando valores por defecto (penalización por apertura de hueco de 10, penalización por extensión de hueco de 0,1 y matriz de peso seleccionado de Blosum 62 (si los polipéptidos están alineados)).

10 **Ejemplo 3: Cálculo del porcentaje de identidad global entre secuencias de polipéptidos útiles en la realización de los procedimientos de la invención**

Los porcentajes globales de similitud e identidad entre algunas de las secuencias de polipéptidos de longitud completa dados en la Tabla A del Ejemplo 1 se determinaron usando uno de los procedimientos disponibles en la técnica, el programa informático MatGAT (herramienta de alineamiento global de matrices) (BMC Bioinformatics. 2003 4:29. MatGAT: una aplicación que genera matrices de similitud/identidad usando secuencias de proteínas o de ADN. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; programa informático proporcionado por Ledion Bitincka). El programa informático MatGAT genera matrices de similitud/identidad para secuencias de ADN o proteínas sin necesitar un prealineamiento de los datos. El programa se usó para realizar una serie de alineamientos por pares usando el algoritmo de alineamiento global de Myers y Miller (con una penalización por apertura de hueco de 12 y una penalización por extensión de hueco de 2) y para calcular la similitud y la identidad usando Blosum 62 (para polipéptidos) y disponer los resultados en una matriz de distancia. La similitud de secuencia se muestra en la mitad inferior de la línea divisoria y la identidad de secuencia se muestra en la mitad superior de la línea divisoria diagonal.

Los parámetros usados en la comparación fueron:

Matriz de clasificación: Blosum62

25 Primer hueco: 12

Extensión de hueco: 2

5 Los resultados del análisis informático se muestran en la Tabla B para la similitud y la identidad globales tal como se representan por debajo y por encima de la diagonal respectivamente. La similitud global de SEC ID N°:2 con las proteínas parálogas mostradas en la Tabla B1 es superior al 48 % de identidad. La similitud de SEC ID N°: 2 con las secuencias homólogas de plantas dadas en las Tablas B2 y B3 es superior al 40 % de identidad para proteínas con origen en plantas dicotiledóneas y superior al 45 % de identidad para monocotiledóneas.

Tabla B: Resultados de MatGAT para la similitud y la identidad globales a lo largo de la longitud completa de las secuencias de polipéptidos.

Tabla B1. Similitud e identidad globales entre polipéptidos TPP de clase III parálogos en *Arabidopsis thaliana*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. AT2G22190		48,5	64	61,8	57,2	48,6	48,8	51,9	55,3
2. AT5G51460	65,2		48,6	48,6	51,5	59,1	61	45	48,2
3. AT5G65140	78,1	69,1		74,1	60,2	47,1	47,3	51,1	60,1
4. AT5G10100	75,6	66,5	88,4		57,3	45,7	47,2	50,3	55,1
5. AT1G35910	72,1	70,4	78,1	76,7		50,9	52	54,2	59,7
6. AT4G22590	65,5	77,1	67,9	67,9	69,5		81,2	45,8	47,7
7. AT4G12430	66,3	76,1	67,6	69,4	72,1	89,7		46,7	49,4
8. AT1G22210	67,5	60,3	66,8	65,3	68,8	61,5	63,3		58,5
9. AT1G78090	69,5	68,6	77	74,1	77,3	68,4	67,9	73,5	
10. SEC ID N°: 2	69,5	68,6	77	74,1	77,3	68,4	67,9	73,3	100

Tabla B2. Similitud e identidad globales entre polipéptidos TPP de clase III homólogos con origen en plantas dicotiledóneas.

Proteína	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. Nt_Q3ZTF5		49,7	49,4	50,5	50,8	50,6	44	73,7	74,6	68,2	50,4	65	75,6	60,7
2. Bc_Q4AC11	68,2		81,7	57,7	57,2	62,5	56,2	47,4	46	47,3	60,6	47,8	46,9	44,4
3. Br_Q4ABQ9	67,7	88,7		57,7	57,7	58,5	53,2	46	45,6	47,5	60,7	46,7	45,4	43,8
4. pOP-IcIlscaff_II.875	65,6	75,7	75,1		89,9	62	58,1	49,5	49,6	49,1	59,1	47,9	50,1	46,4
5. pOP-IcIlscaff_V.739	66,9	75,5	74,3	94,7		60,1	55,9	50,1	49,5	50	57	48,1	50	46
6. pOP-IcIlscaff_VII.559	66,4	75,7	71,8	74,5	74,3		81,9	48,3	47,6	46,5	61,5	47,3	49,1	44,1
7. pOP-IcIlscaff_V.167	63,1	72,9	68,6	72,1	71,9	88		42	41,7	41,8	57,4	42,7	42,6	40,5
8. pOP-IcIlscaff_XV.1052	85	66,6	63	63,2	64,8	66,7	62,3		87,1	69,1	49,1	64,6	74,4	57,8
9. pOP-IcIlscaff_XII.1254	87,1	66,4	63,6	63,8	65,4	66,2	61,8	92,5		68,5	49,2	64,7	75	57,1
10. pOP-IcIlscaff_127.52	83,1	66,8	64,2	63,4	66,1	64,2	63,3	82,1	82,9	48,6	48,6	85,2	67,2	54,7
11. Gh_TC35369	62,8	70,4	70,7	70,4	70,6	67,6	64,3	60,9	61	60		48,2	49,9	57,1
12. pOP-IcIlscaff_III.843	80,8	64,5	63,7	65,3	64,2	63,7	62,3	80,3	81,4	91,5	59,6		64,9	53,4
13. Gm_contig16565	85,9	67,4	63	63,5	64,5	65,4	63,8	85,9	86,4	83	61,4	81,7		57,8
14. TAG_Contig-7-M6b1	68	60,6	60,8	61,4	62,5	56,6	53,3	67,6	65,9	65,8	76	64	66,1	
15. SEC ID N°: 2	69,3	71,9	70,1	74,9	76,7	70,8	69,1	69,2	69,5	68,4	66	66,1	68,4	61,5

Tabla B3. Similitud e identidad globales entre polipéptidos TPP de clase III homólogos con origen en plantas monocotiledóneas.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. Os02g0753000		63	42,9	51,9	48	51,8	49,9	47,3	47,3	62,1	54,3	48,7	57,1	57,1
2. Os08g0409100	77		38,2	56,2	59,9	50,8	52,5	51,6	49,4	77	63,7	52,6	59,4	56,4
3. Os06g0222100	50,8	46,3		34,2	35	33,4	31,2	28,6	29,8	37,1	31,9	31,5	34,9	35,1
4. Os07g0624600	71,1	71,4	43,5		45	52,9	50,4	48,3	47,3	53,9	49,3	48,4	64,7	63,4
5. Os09g0369400	58,8	69,2	48,7	57,8		41,5	42	39,3	37,5	65,7	50,9	39,9	47,2	46,5
6. Os03g0386500	66,2	64,9	40,3	64,5	51,1		45,3	43,6	44,9	50,5	56,5	45	55,9	55,3
7. Os02g0661100	66,6	70,6	41,9	65,5	55,8	58,2		51,9	55,7	50,4	46,1	84,5	50,4	49,6
8. Os07g0485000	65,7	67	40,1	63,4	51,7	60,2	68,5		53,9	48,1	46,7	50,6	47,2	48,5
9. Os10g0553300	65,4	66,5	40,4	64,4	53,4	58,1	72	66,5		47,8	43,3	55,5	47,7	49,1
10. Ta_TC252250	75,9	88,5	47,1	69,7	71,3	63,5	69,2	64,6	66,2		74,5	50,5	57,7	55,8
11. Hv_TC139314	65,7	71,9	39,8	61,7	55,6	72,3	59	60,7	56,5	75,6		45,7	53,6	50,4
12. Ta_contig10083	66,9	68	41,8	64,2	54,7	58,1	91,7	67,2	71,5	69,2	58,3		48,3	47,2
13. Zm_SRA ABD92780	71,4	71,4	42,4	74,3	57,5	68,5	63,6	65,5	64,1	69,2	65,1	62,9		65,5
14. Zm_RA3	74,1	74,3	43,8	75,7	57,3	66,5	65,5	66,8	66,2	71,6	64,5	62,6	78,1	
15. SEC ID N°: 2	73,3	74,3	46,5	68,7	58,2	61,5	69,8	65,2	68,3	72,5	61,2	70,1	67,1	66,3

Tabla B4. Similitud e identidad globales entre polipéptidos TPP de clase III homólogos con origen no vegetal.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. E.coli_OTSBP		36,8	36,4	35,8	29,2	30,7	23,5	26,1	11,3	36,8	36,4	29,2	30,7	23,5
2. Xo_Q5H2G4	54,1		38	38,9	33,5	28,8	24,5	25,1	10,8	100	38	33,5	28,8	24,5
3. 03IZA2_RHOS4	55,3	53,1		46,5	32	28,6	23,3	25,2	10,8	38	100	32	28,6	23,3
14. RHILE_087819	53,4	57,1	61,2		31	26,4	23,3	24,9	11,3	38,9	46,5	31	26,4	23,3
5. THETH_Q5MCN5	47,4	48,4	45,8	44,4		27,1	30,3	27	10,5	32,8	32	100	27,1	30,3
6. Arthr_Q4NG94	46,7	41,2	42,3	40,1	43,4		26,3	27,7	9,6	28,7	28,3	27,1	100	26,3
7. DROME_Q9VM18	44,6	42	43,5	44,6	46,7	45,7		40,6	10,9	24,5	23,3	30,3	26,4	100
8. DROME_Q9VM19	42,9	39,9	45,1	44	45,8	46,5	64,9		10,6	25,1	25,2	27	27,7	40,6
9. Sc_P31688 TPS2	17,5	16,9	17	16,4	15,2	15,1	17,7	16,6		11,1	10,8	10,5	9,8	10,9
10. Xo_Q5H2G4	54,1	100	53,1	57,1	47,6	41,5	42	39,9	17		38	33,5	28,8	24,5
11. Q3IZA2 Q3IZA2_RHOS4	55,3	53,1	100	61,2	45,8	41,9	43,5	45,1	17	53,1		32	28,6	23,3
12. THETH_Q5MCN5	47,4	48,4	45,8	44,4	100	43,4	46,7	45,8	15,6	48,4	45,8		27,1	30,3
13. Arthr_Q4NG94	46,7	41,2	42,3	40,1	43,4	100	44,2	46,5	15,1	41,2	42,3	43,4		26,3
14. DROME_Q9VM18	44,6	42	43,5	44,6	46,7	45,7	100	64,9	17,7	42	43,5	46,7	45,7	
15. SEC ID N°: 2	37,4	34	37,2	34	36,9	38,5	41,7	41,2	23,7	34	37,2	36,9	38,5	41,7

Ejemplo 4: Identificación de dominios que comprenden polipéptidos TPP de clase III

La base de datos Integrated Resource of Protein Families, Domains and Sites (InterPro) es una interfaz integrada para bases de datos de firma usada comúnmente para la búsqueda basada en texto y en secuencia. La base de datos InterPro combina estas bases de datos, que usan metodologías diferentes y diversos grados de información biológica sobre proteínas bien caracterizadas para derivar firmas proteicas. Las bases de datos colaboradoras incluyen SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom y Pfam, Smart y TIGRFAMs. Interpro está proporcionada por el Instituto Europeo de Bioinformático en el Reino Unido.

Los resultados de la exploración de InterPro de la secuencia de polipéptidos representada por SEC ID N°: 14 se representan en la Tabla C.

Tabla C: Resultados de la exploración de InterPro de la secuencia de polipéptidos representada por SEC ID N°: 14.

Base de datos	Número de acceso	Denominación de acceso	Región de homología con el dominio
TIGRFAMs	TIGR01484	HAD-SF-IIB: hidrolasas de superfamilia HAD	119-332
Pfam	PF02358	Trehalosa_PPasa	121-354
TIGRFAMs	TIGR00685	T6PP: trehalosa-fosfatasa	115-365

Ejemplo 5: Ensayo de la actividad in vitro de la actividad de trehalosa fosfato fosfatasa

El polinucleótido TPP de clase III de *Arabidopsis* que corresponde a la región codificante de la isoforma AtTPPI se clonó en el plásmido pGEX-4T-1 (Pharmacia), diseñado para crear proteínas de fusión de GST. El vector se introdujo en *E. coli*. La proteína recombinante expresada producida en la cepa de *E. coli* BL21 se purificó y se determinó la actividad de TPP por HPLC.

Expresión en *E. coli*

Las células de la cepa de *E. coli* BL21 Star™ (DE3) One Shot® (Invitrogen) supercompetentes se transformaron con el constructo pGEXGST y se incubaron durante la noche en placas con medio de Luria Bertani (LB) + ampicilina (Amp) a 37 °C. Las colonias se recogieron y se transfirieron a 200 ml de LB+Amp y se incubaron con agitación a 37 °C durante 4 h antes de inducir la expresión añadiendo β-tiogalactósido de isopropilo (IPTG, concentración final 0,3 mM). Esto vino seguido por otro periodo de incubación de 4 h a 30 °C. Las células se recogieron por centrifugación a 4 °C (30 min, 3000 rpm) y se resuspendieron en 5 ml de tampón de solución salina tamponada con fosfato 1x (PBS) enfriado con hielo (NaCl 140 mM; KCl 2,7 mM; Na₂HPO₄ 10 mM; KH₂PO₄ 1,8 mM; pH 7,3), en partes alícuotas en 5 tubos con tapón de rosca congelados. Después de centrifugación a 4 °C (5 min, 6000 rpm), los aglomerados se congelaron en nitrógeno líquido y se almacenaron a -80 °C.

Purificación de proteínas

Las células se lavaron una vez con 5 ml de tampón de lisis (1 x PBS; 0,4 % de Triton; MgCl₂ 2 mM, EDTA 1 mM, ditiotritol (DTT) 2 mM; 0,2 mg/ml de lisozima y 1 comprimido de mezcla de proteasa-inhibidor en EDTA (Roche)/10 ml de tampón de lisis) enfriado con hielo, se incubaron durante 15 min en hielo y se sometieron a sonicación con tres pulsos de sonicación de 15 s (Sartorius Labsonic®P). Los lisados se eliminaron a 4 °C por centrifugación a 12.000 g. La fracción de sobrenadante se mezcló con 200 µl de perlas de glutatión-sefara (Amersham Biosciences) que se habían preequilibrado en tampón de lavado (1x PBS; 0,1 % de Triton; MgCl₂ 2 mM, EDTA 1 mM, DTT 1 mM) y se incubó durante 1 h a 4 °C en un tambor de rodillo. Las perlas se recogieron por centrifugación a 4 °C (1 min, 1800 rpm), se lavaron cinco veces con 1 ml de tampón de lavado enfriado con hielo y se almacenaron a -20 °C antes de realizar las mediciones de la actividad de TPP.

Medición de la actividad de TPP

La actividad de trehalosa-6-fosfato fosfatasa (TPP) se detectó midiendo la trehalosa (T) producida después de añadir trehalosa-6-fosfato (T6P) a las muestras de proteína. Las muestras se añadieron a 150 µl de tampón de ensayo con T6P (T6P 2 mM; MgCl₂ 2 mM; validamicina A 10 µM y Tris-CIH 45 mM, pH 7,5) o sin T6P (MgCl₂ 2 mM; validamicina A 10 µM y Tris-CIH 45 mM, pH 7,5). Después de incubar durante 1-1,5 h a 37 °C, las perlas se recogieron por centrifugación (10 min; 1.200 g) y el sobrenadante se inyectó en HPLC, junto con una dilución de patrón T. Las concentraciones de proteína se midieron por el procedimiento de Bradford.

Los resultados que se indican en la Figura 4 mostraron que TPPI tiene actividad de trehalosa-6-fosfato fosfatasa.

Ejemplo 6: Ensayo de la actividad in vivo de trehalosa fosfato fosfatasa

La actividad de la enzima representada por SEC ID N°: 2 y la de sus proteínas parálogas que tienen secuencias representadas por SEC ID N°: 10, 12, 16, 18, 20, 22, 24, 26 y 28 se determinó mediante complementación funcional

del mutante de levadura *tps2* según el protocolo descrito por Vogel y col. 1998 con modificaciones secundarias. Brevemente, un fragmento de ADN que comprende las regiones codificantes de cualquiera de las secuencias representadas por SEC ID N°: 1, 9, 11, 15, 17, 19, 21, 23, 25 y 27 se amplificó a partir de ADNc de *Arabidopsis thaliana* mediante la reacción en cadena de la polimerasa usando los cebadores enumerados en la Tabla D. Los fragmentos de ADN se clonaron subsiguientemente en el vector de expresión de levadura pYX212. Los constructos se introdujeron en la cepa de levadura YSH448 deficiente en *tps2* termosensible. Las cepas de levadura transformadas se cultivaron a la temperatura permisiva de 30 °C y las condiciones restrictivas de 38 °C y 39 °C en medio de glucosa SD-URA. Como se muestra en la figura 6 solo los constructos que comprendían la región codificante de cualquiera de SEC ID N°: 2, 10, 12, 16, 18, 20, 22, 24, 26 y 28 fueron capaces de restaurar el crecimiento de la levadura a las temperaturas restrictivas de 37 °C y 39 °C. Los transformantes de levadura que contenían el vector vacío pYX212 no restauraron el crecimiento de la cepa deficiente en *tps2* YSH448. Los transformantes de levadura que expresaban el gen *TPS2* de levadura de tipo silvestre a partir del vector pYX212 y el pYX212 vacío se usaron como controles positivo y negativo respectivamente.

Table D: Lista de cebadores usados en la PCR para amplificar polipéptidos de clase III de *Arabidopsis thaliana*. Se proporcionó un codón de detección en el vector de clonación.

Denominación cebador	origen	SEC ID N°	Secuencia
>PrmAtTPPA-5	Sintético	101	GGAAGATCTATGGACATGAAATCTGGTCACTC
>PrmAtTPPA-3	Sintético	102	AAGGCCTACCCATTGATCTCTTCCATGTCA
>PrmAtTPPB-5	Sintético	103	GGAATTCATGACTAACCAGAATGTCATCGTT
>PrmAtTPPB-3	Sintético	104	AAGGCCTCTCTTCTCCCACTGTCTTCCTC
>PrmAtTPPC-5	Sintético	105	CGGGATCCATGAAGATTACGGATATTTCCGG
>PrmAtTPPC-3	Sintético	106	AAGGCCTTTCTCCAAGTGTGTTTCTTCC
>PrmAtTPPD-5	Sintético	107	CGGGATCCATGACAAACCATAATGCCTTAATC
>PrmAtTPPD-3	Sintético	108	AAGGCCTTCTTCTCTTAGTGACATTTGTTTC
>PrmAtTPPE-5	Sintético	109	CGGGATCCATGTTTCAAGAAATACTTCATAAATC
>PrmAtTPPE-3	Sintético	110	AAGGCCTTGCCCCACACCTTGACTGTTTC
>PrmAtTPPF-5	Sintético	111	CATGCCATGGATTTAAACTCAAACCACAAATC
>PrmAtTPPF-3	Sintético	112	TCCCCGGGAAAACAGTAGAATTCTTCTCCAAC
>PrmAtTPPG-5	Sintético	113	CATGCCATGGATTTGAATATAAACAAGACGAC
>PrmAtTPPG-3	Sintético	114	AAGGCCTAAAACCTGTGTTTGAACCTTCCATCTTC
>PrmAtTPPH-5	Sintético	115	CGGGATCCATGGTTAGATTCATAGAAGAAAACAC
>PrmAtTPPH-3	Sintético	116	AAGGCCTTGCTCCAGATCTCAATTGTTTCC
>PrmAtTPPI-5	Sintético	117	CGGGATCCATGTCAGCTAGTCAAAACATTGTC
>PrmAtTPPI-3	Sintético	118	AAGGCCTCATTCTTGGCTGCATTTGTTTCC
>PrmAtTPPJ-5	Sintético	119	CGGGATCCATGGTGAGCCAAAACGTCGTCG
>PrmAtTPPJ-3	Sintético	120	AAGGCCTTGCTGCATCTGTTTCCACTCC

Ejemplo 7: Clonación de una secuencia de ácidos nucleicos representada por SEC ID N°: 1

A menos que se indique lo contrario, las técnicas de ADN recombinante se realizaron según protocolos estándar descritos por Sambrook (2001), Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York) o en los Volúmenes 1 y 2 por Ausubel y col. (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Los materiales y los procedimientos estándar para el trabajo molecular con plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfax (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (Reino Unido) y Blackwell Scientific Publications (Reino Unido).

El gen *TPP* de clase III de *Arabidopsis thaliana* Class III *TPP* se amplificó por PCR usando como plantilla una biblioteca de ADNc de plántulas de *Arabidopsis thaliana* (Invitrogen, Paisley, Reino Unido). Se usaron para la amplificación por PCR cebadores prm05451 (SEC ID N°: 99, cebador; sentido directo, codón de inicio en negrita, sitio *AttB1* en cursiva: 5'-ggggacaagttgtacaa aaaagcaggcttaacaaatgactaaccagaatgtcatc-3') y prm05452 (SEC ID N°: 100, cebador 2; inverso, complementario, sitio *AttB2* en cursiva: 5'-ggggaccactttgtacaagaaagctgggttgaattatgtt gcatgtctt-3'), que incluían los sitios *AttB* para recombinación Gateway. La PCR se realizó usando Taq ADN polimerasa Hifi en condiciones estándar. Un fragmento de PCR de la longitud esperada se amplificó y se purificó usando también procedimientos estándar. Después se realizó la primera etapa del procedimiento de Gateway, la reacción BP, durante la cual el fragmento de PCR se recombina in vivo con el plásmido pDONR201 para producir, según la terminología de Gateway, un "clon de entrada", pEC_*TPP* de clase III. El plásmido pDONR201 se adquirió en Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

Ejemplo 8: Construcción del vector de expresión usando la secuencia de ácidos nucleicos representada por SEC ID N°: 1

El clon de entrada pEC_*TPP* de clase III se usó subsiguientemente en una reacción LR con un vector destinatario usado para la transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los

límites de ADN-T: un marcador seleccionable de plantas, un casete de expresión de marcador cribable y un casete de Gateway pretendido para recombinación LR *in vivo* con la secuencia de ácidos nucleicos de interés ya clonada en el clon de entrada. Un promotor GOS2 de arroz (SEC ID N°: 98) para la expresión constitutiva estaba ubicado cadena arriba de este casete de Gateway.

- 5 Después de la etapa de recombinación LR, el vector de expresión resultante pXC_TPP de clase III (Figura 7) se transformó en la cepa de *Agrobacterium* LBA4044 según procedimientos bien conocidos en la técnica.

Ejemplo 9: Transformación de plantas

Transformación de arroz

- 10 El *Agrobacterium* que contenía el vector de expresión se usó para transformar plantas de *Oryza sativa*. Se descascarillaron semillas secas maduras de la variedad de cultivo japonesa de arroz Nipponbare. La esterilización se llevó a cabo incubando durante un minuto en etanol al 70 %, operación seguida por 30 minutos en HgCl₂ al 0,2 %, operación seguida por un lavado de 6 veces durante 15 minutos con agua destilada estéril. Las semillas estériles se hicieron germinar después en un medio que contenía 2,4-D (medio de inducción de callo). Después de incubación en la oscuridad durante cuatro semanas, los callos derivados de escutelo embrionicos se excindieron y se propagaron en el mismo medio. Después de dos semanas, los callos se multiplicaron o se propagaron mediante subcultivo en el mismo medio durante otras 2 semanas. Se subcultivaron piezas de callo embrionario en medio reciente 3 días antes del cocultivo (para reforzar la actividad de división celular).

- 20 La cepa de *Agrobacterium* LBA4404 que contenía el vector de expresión se usó para cocultivo. Se inoculó *Agrobacterium* en medio AB con los antibióticos apropiados y se cultivó durante 3 días a 28 °C. Después se recogieron las bacterias y se suspendieron en medio de cocultivo líquido a una densidad (DO600) de aproximadamente 1. La suspensión se transfirió después a una placa de Petri y los callos se sumergieron en la suspensión durante 15 minutos. Los tejidos callosos se secaron después disponiéndolos en un papel de filtro y se transfirieron a medio de cocultivo solidificado y se incubaron durante 3 días en la oscuridad a 25 °C. Los callos cocultivados se cultivaron en un medio que contenía 2,4-D durante 4 en la oscuridad a 28 °C en presencia de un agente de selección. Durante este periodo, se desarrollaron rápidamente islas de callos resistentes en crecimiento. Después de transferir este material a un medio de regeneración y de incubación a la luz, se liberó el potencial embrionario y se desarrollaron brotes en las cuatro a cinco semanas siguientes. Los brotes se excindieron de los callos y se incubaron durante 2 a 3 semanas en un medio que contenía auxina, del que se transfirieron al suelo. Los brotes endurecidos se cultivaron en condiciones de alta humedad y días cortos en un invernadero.

- 30 Se generaron aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes para un constructo. Los transformantes primarios se transfirieron desde una cámara de cultivo de tejidos a un invernadero. Después de un análisis PCR cuantitativo para verificar el número de copias del inserto de ADN-T, solo una única copia de plantas transgénicas que mostraba tolerancia al agente de selección se conservó para recolectar la semilla T1. Después, las semillas se recolectaron de tres a cinco meses después del trasplante. El procedimiento produjo transformantes de 35 único sitio a una tasa de más del 50 % (Aldemita y Hodges1996, Chan y col. 1993, Hiei y col. 1994).

Transformación de maíz

- La transformación de maíz (*Zea mays*) se realiza con una modificación del procedimiento descrito por Ishida y col. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. La transformación es dependiente del genotipo en maíz y solo son susceptibles de transformación y regeneración genotipos específicos. La línea endogámica A188 (Universidad de Minnesota) o híbridos con A188, como progenitores, son buenas fuentes de material donante para transformación, pero también pueden usarse exitosamente otros genotipos. Se recolectan espigas de plantas de maíz aproximadamente 11 días después de la polinización (DAP) cuando la longitud del embrión inmaduro es de aproximadamente 1 a 1,2 mm. Los embriones inmaduros se cocultiva con *Agrobacterium tumefaciens* que contiene el vector de expresión, y las plantas transgénicas se recuperan mediante organogénesis. Los embriones excindidos se cultivan en medio de inducción de callos, después en medio de regeneración de maíz que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, pero pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incuban a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas o hasta que se desarrollan brotes. Los brotes verdes se transfieren desde cada embrión a medio de enraizamiento de maíz y se incuban a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta que se desarrollan raíces. Los brotes enraizados se transplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 a partir de plantas que muestran tolerancia al agente de selección y que contienen una única copia del inserto de ADN-T.

Transformación de trigo

- La transformación de trigo se realiza con el procedimiento descrito por Ishida y col. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Se usa normalmente la variedad de cultivo Bobwhite (disponible de CIMMYT, México) en la transformación. Se cocultivan embriones inmaduros con *Agrobacterium tumefaciens* que contiene el vector de expresión y se recuperan plantas transgénicas mediante organogénesis. Después de incubación con *Agrobacterium*, los embriones se cultivan *in vitro* en medio de inducción de callos, después en medio de regeneración que contiene el agente de selección (por ejemplo imidazolinona, pero pueden usarse diversos marcadores de selección). Las placas de Petri se incuban a la luz a 25 °C durante 2-3 semanas o hasta que se desarrollan brotes. Los brotes verdes se transfieren

desde cada embrión a medio de enraizamiento y se incuban a 25 °C durante 2-3 semanas, hasta que se desarrollan raíces. Los brotes enraizados se transplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 a partir de plantas que muestran tolerancia al agente de selección y que contienen una única copia del inserto de ADN-T.

Transformación de soja

- 5 La soja se transforma según una modificación del procedimiento descrito por Texas A&M, patente de Estados Unidos Nº 5.164.310. Son susceptibles de transformación por este procedimiento diversas variedades comerciales de soja. Se usa normalmente para la transformación la variedad de cultivo Jack (disponible de la fundación Illinois Seed). Se esterilizan semillas de soja para la siembra *in vitro*. El hipocótilo, el radículo y un cotiledón se excinden de plántulas jóvenes de siete días de vida. El epicótilo y el cotiledón remanente se cultivan adicionalmente para
10 desarrollar nodos axilares. Estos nodos axilares se excinden y se incuban con *Agrobacterium tumefaciens* que contiene el vector de expresión. Después del tratamiento de cocultivo, los explantes se lavan y se transfieren a medio de selección. Los brotes regenerados se excinden y se disponen en un medio de alargamiento de brote. Los brotes no mayores de 1 cm se disponen en medio de enraizamiento hasta el desarrollo de raíces. Los brotes enraizados se transplantaron al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 a partir de plantas que muestran
15 tolerancia al agente de selección y que contienen una única copia del inserto de ADN-T.

Transformación de colza/canola

- Se usan peciolo cotiledonarios e hipocótilos de plantas jóvenes de 5-6 días de vida como explantes para el cultivo tisular y se transforman según Babic y col. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). La variedad de cultivo comercial Westar (Agriculture Canada) es la variedad estándar usada para transformación, pero también pueden usarse otras
20 variedades. Se esterilizan en superficie semillas de canola para la siembra *in vitro*. Los explantes de peciolo cotiledóneos con el cotiledón unido se excinden de las plántulas *in vitro* y se inoculan con *Agrobacterium* (que contenía el vector de expresión) sumergiendo el extremo cortado del explante de peciolo en la suspensión bacteriana. Los explantes se cultivan después durante 2 días en medio MSBAP-3 que contiene 3 mg/l de BAP, el 3 % de sacarosa, el 0,7 % de Fitagar a 23 °C, 16 h de luz. Después de dos días de cocultivo con *Agrobacterium*, los
25 explantes de peciolo se transfieren a medio MSBAP-3 que contiene 3 mg/l de BAP, cefotaxima, carbenicilina o timentina (300 mg/l) durante 7 días y después se cultivan en medio MSBAP-3 con cefotaxima, carbenicilina o timentina y agente de selección hasta la regeneración del brote. Cuando los brotes tienen 5 - 10 mm de longitud, se cortan y se transfieren a medio de alargamiento de brote (MSBAP-0,5, que contiene 0,5 mg/l de BAP). Los brotes de aproximadamente 2 cm de longitud se transfieren al medio de enraizamiento (MS0) para la inducción de raíces. Los
30 brotes enraizados se transplantan al suelo en el invernadero. Se producen semillas T1 a partir de plantas que muestran tolerancia al agente de selección y que contienen una única copia del inserto de ADN-T.

Transformación de alfalfa

- Un clon de regeneración de alfalfa (*Medicago sativa*) se transforma usando el procedimiento de (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847). La regeneración y la transformación de alfalfa son dependientes de genotipo y,
35 por lo tanto, se requiere una planta en regeneración. Se han descrito procedimientos para obtener plantas en regeneración. Por ejemplo, estas pueden seleccionarse a partir de variedades de cultivo Rangelander (Agriculture Canada) o cualquier otra variedad comercial de alfalfa tal como las descritas por Brown DCW y A Atanassov (1985. Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111-112). Como alternativa, se ha seleccionado la variedad RA3 (Universidad de Wisconsin) para su uso en cultivo tisular (Walker y col., 1978 Am J Bot 65:654-659). Se cocultivan explantes de
40 peciolo con un cultivo durante una noche de *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie y col., 1999 Plant Physiol 119: 839-847) o LBA4404 que contiene el vector de expresión. Los explantes se cocultivan durante 3 d en la oscuridad en medio de inducción SH que contiene 288 mg/l de Pro, 53 mg/l de tioprolina, 4,35 g/l de K₂SO₄ y 100 µm de acetosiringinona. Los explantes se lavan en medio de Murashige-Skoog de fuerza media (Murashige y Skoog, 1962) y se plaquean en el mismo medio de inducción SH sin acetosiringinona, pero con un agente de selección
45 adecuado y antibiótico adecuado para inhibir el crecimiento de *Agrobacterium*. Después de varias semanas se transfieren embriones somáticos a medio de desarrollo BOi2Y que no contiene reguladores del crecimiento ni antibióticos y contiene 50 g/l de sacarosa. Los embriones somáticos se hacen germinar subsiguientemente en medio de Murashige-Skoog de fuerza media. Las plántulas con raíces se transplantaron a macetas y se cultivaron en un invernadero. Se producen semillas T1 a partir de plantas que muestran tolerancia al agente de selección y que
50 contienen una única copia del inserto de ADN-T.

Transformación de algodón

- Se transforma algodón usando *Agrobacterium tumefaciens* según el procedimiento descrito en el documento US 5.159.135. Se esterilizan en superficie semillas de algodón en solución de hipoclorito de sodio al 3 % durante 20 minutos y se lavan en agua destilada con 500 µg/ml de cefotaxima. Las semillas se transfieren después a medio SH
55 con 50 µg/ml de benomilo para la germinación. Se retiran hipocótilos de plántulas de 4 a 6 días de vida, se cortan en piezas de 0,5 cm y se disponen en agar al 0,8 %. Se usa para la inoculación de los explantes de hipocótilo una suspensión de *Agrobacterium* (aproximadamente 10⁸ células por ml, diluida a partir de un cultivo de una noche transformado con el gen de interés y marcadores de selección adecuados). Después de 3 días a temperatura ambiente e iluminación, los tejidos se transfirieron a un medio sólido (1,6 g/l de Gelrite) con sales de Murashige y

Skoog con vitaminas B5 (Gamborg y col., Exp. Cell Res. 50:151-158 (1968)), 0,1 mg/l de 2,4-D, 0,1 mg/l de 6-furfurilaminopurina y 750 µg/ml de MgCl₂, y con 50 a 100 µg/ml de cefotaxima y 400-500 µg/ml de carbenicilina para destruir las bacterias residuales. Se aíslan líneas celulares individuales después de dos a tres meses (con subcultivos cada cuatro a seis semanas) y se cultivan adicionalmente en medio selectivo para la amplificación de tejidos (30 °C, 16 h de fotoperíodo). Los tejidos transformados se cultivan subsiguientemente adicionalmente en medio no selectivo durante 2-3 meses para obtener embriones somáticos. Embriones que parecen sanos de al menos 4 mm de longitud se transfieren a tubos con medio SH en vermiculita fina, suplementado con 0,1 mg/l de ácido indol-acético, 6 furfurilaminopurina y ácido giberélico. Los embriones se cultivan a 30 °C con un fotoperíodo de 16 h, y los plántones en el estadio de 2 a 3 hojas se transfieren a macetas con vermiculita y nutrientes. Las plantas se endurecen y se mueven subsiguientemente al invernadero para el cultivo adicional.

Ejemplo 10: Procedimiento de evaluación fenotípica

10.1 Configuración de la evaluación

Se generaron aproximadamente 35 transformantes de arroz T0 independientes.. Los transformantes primarios se transfirieron desde una cámara de cultivo tisular a un invernadero para el cultivo y la recolección de semillas T1. Se conservaron cinco eventos, de los que la progenie T1 segregó 3:1 para la presencia/ausencia de los transgenes. Para cada uno de estos eventos, se seleccionaron aproximadamente 10 plántulas T1 que contenían el transgen (heterocigotos y homocigotos) y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecen del transgén (nulicigotos) mediante seguimiento de la expresión del marcador visual. Las plantas transgénicas y los nulicigotos correspondientes se cultivaron lado con lado en posiciones aleatorias. Las condiciones de invernadero fueron de días cortos (12 horas de luz), 28 °C en la luz y 22 °C en la oscuridad y una humedad relativa del 70 %.

Se evaluaron cuatro eventos T1 adicionalmente en la generación T2 siguiendo el mismo procedimiento de evaluación que para la generación T1 pero con más individuos por evento. Desde el estadio de siembra hasta el estadio de madurez las plantas se hicieron pasar varias veces a través de una cabina de imágenes digitales. En cada punto temporal se tomaron imágenes digitales (2048 x 1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta en al menos 6 ángulos diferentes.

Cribado de resistencia a la sequía

Se cultivaron plantas de semillas T2 en suelo de maceta en condiciones normales hasta que alcanzaron el estadio de espigazón. Después se transfirieron a una sección “seca”, en la que se privaron de irrigación. Se insertaron sondas de humedad en macetas seleccionadas aleatoriamente para realizar un seguimiento del contenido de agua del suelo (SWC). Cuando el SWC se encontraba por debajo de un determinado umbral, las plantas se regaban automáticamente hasta que se alcanzaba un nivel normal. Las plantas se transfirieron después de nuevo a condiciones normales. El resto del cultivo (maduración de la planta, recolección de semillas) fue el mismo que para las plantas no cultivadas en condiciones de estrés abiótico. Los parámetros de cultivo y de rendimiento se registraron como se detalla para el cultivo en condiciones normales.

Cribado de eficacia del uso de nitrógeno

Se cultivaron plantas de semillas T2 en suelo de maceta en condiciones normales excepto por la solución de nutrientes. Las macetas se regaron desde el trasplante hasta la maduración con una solución de nutrientes específica que contenía un contenido de nitrógeno N reducido (N), habitualmente entre 7 y 8 veces menos que las plantas normales (de control). El resto del cultivo (maduración de la planta, recolección de semillas) fue el mismo que para las plantas no cultivadas en condiciones de estrés abiótico. Los parámetros de cultivo y de rendimiento se registraron como se detalla para el cultivo en condiciones normales.

10.2 Análisis estadístico: Ensayo F

Se usó un ANOVA (análisis de variantes) de dos factores como modelo estadístico para la evaluación general de características fenotípicas de la planta. Se llevó a cabo un ensayo F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los eventos transformados con el gen de la presente invención. El ensayo F se llevó a cabo para comprobar un efecto del gen sobre todos los eventos de transformación y para verificar un efecto general del gen, también conocido como efecto génico global. El umbral para la significancia para un efecto génico global se estableció en un nivel de probabilidad del 5 % para el ensayo F. Un valor del ensayo F significativo apunta a un efecto génico, lo que significa que no solo la mera presencia o la posición del gen causa las diferencias en fenotipo.

10.3 Parámetros medidos

Medición de parámetros relacionados con la biomasa

Desde el estadio de siembra hasta el estadio de madurez las plantas se hicieron pasar varias veces a través de una cabina de imágenes digitales. En cada punto temporal se tomaron imágenes digitales (2048 x 1536 píxeles, 16 millones de colores) de cada planta en al menos 6 ángulos diferentes.

El área por encima del suelo de la planta (o biomasa foliar) se determinó contando el número de píxeles en las imágenes digitales de partes aéreas de planta discriminadas del fondo. Este valor se promedió para las fotografías tomadas en el mismo punto temporal desde los diferentes ángulos y se convirtió a un valor físico de superficie expresado en mm cuadrados por caligración. Los experimentos mostraron que el área de la planta por encima del suelo medida de esta forma se correlaciona con la biomasa de las partes de la planta por encima del suelo. El área por encima del suelo es el área medida en el punto temporal en el que la planta ha alcanzado su biomasa foliar máxima.

El vigor temprano de la planta se estima a partir del área por encima del suelo de la planta (plántula) tres semanas después de la germinación. El aumento en la biomasa radicular se expresa como un aumento en la biomasa de la raíz total (medida como la biomasa máxima de raíces observada durante la fase de crecimiento exponencial de las raíces); o como un aumento en el índice de raíz/brote (medido como la relación entre masa de la raíz y masa del brote en el periodo de crecimiento activo de la raíz y el brote).

Medición de parámetros relacionados con la semilla

Las mazorcas primarias maduras se recolectaron, se contaron, se embolsaron, se etiquetaron con códigos de barras y después se secaron durante tres días en un horno a 37 °C. Las mazorcas se trillaron después y todas las semillas se recolectaron y se contaron. Las cáscaras llenas se separaron de las vacías usando un dispositivo de soplado de aire. Las cáscaras vacías se descartaron y la fracción remanente se contó de nuevo. Las cáscaras llenas se pesaron en una balanza analítica. El número de semillas llenas se determinó contando el número cáscaras llenas que permanecen después de la etapa de separación. El rendimiento de semilla total se midió pesando todas las cáscaras llenas recolectadas de una planta. El número de semilla total por planta se midió contando el número de cáscaras recolectadas de una planta. El peso de mil granos (TKW) se extrapola del número de semillas llenas contadas y su peso total. El índice de cosecha (IC) en la presente invención se define como la relación entre el rendimiento de semilla total y el área por encima de la superficie (mm²), multiplicado por un factor de 10⁶. El número total de flores por mazorca, tal como se define en la presente invención, es la relación entre el número total de semillas y el número de mazorcas primarias maduras. La tasa de llenado de semilla tal como se define en la presente invención es la proporción (expresada como un %) del número de semillas llenas con respecto al número total de semillas (o flósculos).

Ejemplo 11: Resultados de la evaluación fenotípica de las plantas transgénicas

Los resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas que expresan la secuencia de ácidos nucleicos SEC ID N°: 1 bajo el control de un promotor GOS2 se presentan en la Tabla E. El porcentaje de diferencia entre los transgénicos y los nulicigotos correspondientes también se muestra, con un valor P a partir del ensayo F inferior a 0,05.

El rendimiento de semilla total, el número de semillas llenas, la tasa de llenado de semilla y el índice de cosecha se aumentaron significativamente en las plantas transgénicas que expresan la secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1, en comparación con las plantas de control (en este caso los nulicigotos).

Tabla E: Resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas que expresan la secuencia de ácidos nucleicos SEC ID N°: 1 bajo el control de un promotor GOS2

Rasgo	% de aumento en las plantas transgénicas frente a las de control
Rendimiento de semilla total	15
Número de semillas llenas	17
Número de semillas total	11
Índice de cosecha	7
Flores por mazorca	5
Biomasa por encima del suelo	6

Se sometieron también plantas de arroz transgénicas que expresan la secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1 bajo el control de un promotor GOS2 al cribado de resistencia a la sequía. Los parámetros siguientes estaban aumentados en comparación con plantas de control correspondientes y los parámetros marcados con * dieron un valor de P a partir del ensayo F inferior a 0,05. *Rendimiento de semilla total (11 % de aumento en comparación con plantas de control), *número de semillas llenas (10 % de aumento en comparación con plantas de control), *índice de cosecha (11 % de aumento en comparación con plantas de control), tasa de llenado (8 % de aumento en comparación con plantas de control).

Tabla F: Resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas sometidas al cribado de eficacia de uso de nitrógeno que expresan la secuencia de ácidos nucleicos SEC ID N°: 1 bajo el control de un promotor GOS2.

Las plantas sometidas al cribado de eficacia de uso de nitrógeno mostraron un aumento en los parámetros descritos en la tabla inferior en comparación con plantas de control correspondientes.	
Parámetro	% de aumento
Biomasa por encima del suelo	9,8
Biomasa radicular	11,4
Rendimiento de semilla total	11,2
Número de semillas llenas	25,9
Número de flores por mazorca	6,1
Altura de la planta	13,4
Número total de semillas	9,5

5

Tabla G: Resultados de la evaluación de plantas de arroz transgénicas sometidas al cribado de nitrógeno que expresan la secuencia de ácidos nucleicos de SEC ID N°: 1 bajo el control de un promotor HMG (grupo de alta movilidad).

Las plantas sometidas al cribado de eficacia de uso de nitrógeno mostraron un aumento en los parámetros descritos en la tabla inferior en comparación con plantas de control correspondientes.	
Parámetro	Procentaje % de aumento
Vigor en emergencia	18,2
Número de semillas llenas	32,2

REIVINDICACIONES

1. Un procedimiento para aumentar el rendimiento de semilla en plantas con respecto a plantas de control, en el que dicho rendimiento de semilla aumentado es uno o más cualesquiera de los siguientes:

(i) Número aumentado de semillas por planta;

5 (ii) Número aumentado de semillas llenas por planta;

(iii) Peso aumentado de las semillas por planta;

que comprende aumentar la expresión en una planta de un ácido nucleico que codifica un polipéptido de trehalosa fosfato fosfatasa (TPP) de clase III, en el que dicha expresión aumentada es efectuada introduciendo y expresando en una planta un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III, en el que dicho ácido nucleico codifica un polipéptido TPP de clase III que tiene al menos el 85 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos SEC ID N°: 4, o en el que dicho polipéptido TPP de clase III comprende:

(i) un dominio de trehalosa-PPasa que tienen al menos el 50 % de identidad de secuencia de aminoácidos con SEC ID N°: 93 o SEC ID N°: 94, en el que dicho dominio de trehalosa-PPasa comprende:

a. una caja de fosfatasa A que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 96 y/o

15 b. una caja de fosfatasa B que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 97 y/o

(ii) un dominio rico en serina que tiene al menos el 50 % de identidad de secuencia con SEC ID N°: 95,

en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes plantas sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

2. Procedimiento según la reivindicación 1, en el que dicho ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III:

20 (i) es el ácido nucleico que tiene la SEC ID N°: 3 o una porción del mismo que tiene una longitud de al menos 625 nucleótidos consecutivos, o una secuencia capaz de hibridarse en condiciones rigurosas con un ácido nucleico que tiene la SEC ID N°: 4 y/o

(ii) codifica un polipéptido TPP de clase III que tiene la SEC ID N°: 4.

25 **3.** Procedimiento según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 2, en el que dicho ácido nucleico se une operativamente a un promotor constitutivo.

4. La planta o parte de la misma, incluidas semillas, que puede obtenerse mediante un procedimiento según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, comprendiendo dicha planta o parte de la misma un ácido nucleico recombinante que codifica una proteína TPP de clase III de SEC ID N°: 4 unido operativamente a un promotor constitutivo.

30 **5.** Una molécula de ácido nucleico aislada que comprende:

(i) un ácido nucleico de SEC ID N°: 3;

(ii) el complemento de la SEC ID N° proporcionada en (i);

(iii) un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III que tiene al menos el 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4,

35 **6.** Un polipéptido aislado que comprende:

(i) una secuencia de aminoácidos de SEC ID N° 4;

(ii) una secuencia de aminoácidos que tiene al menos el 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos proporcionada en SEC ID N°: 4;

7. Constructo que comprende:

40 (a) un ácido nucleico que codifica un polipéptido TPP de clase III según la reivindicación 6; y

(b) una o más secuencias de control capaces de dirigir la expresión de la secuencia de ácidos nucleicos de (a), en el que dicha una secuencia de control es un promotor GOS2; y

(c) opcionalmente una secuencia de terminación de la transcripción.

8. Uso de un constructo según la reivindicación 7 en un procedimiento de producción de plantas que tienen un rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

(i) Número aumentado de semillas por planta;

5 (ii) Número aumentado de semillas llenas por planta;

(iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

10 **9.** Planta, parte de planta o célula vegetal transformada con un constructo según la reivindicación 7, en la que dicho constructo está integrado en el genoma de la planta, parte de planta o célula vegetal.

10. Procedimiento de producción de una planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

(i) Número aumentado de semillas por planta;

(ii) Número aumentado de semillas llenas por planta;

15 (iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

que comprende:

(i) introducir y expresar en una planta un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III según la reivindicación 1 o 6 y

(ii) cultivar la célula vegetal en condiciones que promuevan el crecimiento y el desarrollo de la planta.

20 **11.** Planta transgénica que tiene rendimiento de semilla aumentado con respecto a plantas de control, siendo dicho rendimiento de semilla aumentado el resultado de una expresión aumentada de un ácido nucleico introducido que codifica una proteína TPP de clase III tal como se ha definido en la reivindicación 6, o una célula vegetal transgénica que puede obtenerse a partir de dicha planta transgénica, en la que dicha planta transgénica es una planta de cultivo
25 vegetal transgénica derivada de dicha planta transgénica, en la que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

12. Partes recolectables de una planta tal como se ha definido en la reivindicación 11, en las que dichas partes recolectables comprenden un constructo tal como se ha definido en la reivindicación 7.

30 **13.** Partes recolectables según la reivindicación 12, en las que dichas partes recolectables son semillas.

14. Uso de un ácido nucleico que codifica una proteína TPP de clase III según la reivindicación 1 o 6 para aumentar el rendimiento de semilla en plantas con respecto a plantas de control cuando se introduce y se expresa en dichas plantas, en el que dicho rendimiento de semilla es uno o más de los siguientes:

(i) Número aumentado de semillas por planta;

35 (ii) Número aumentado de semillas llenas por planta;

(iii) Peso (total) aumentado de las semillas por planta;

en el que dichas plantas de control son plantas de tipo silvestre correspondientes o plantas correspondientes sin dicho ácido nucleico que codifica dicho polipéptido de trehalosa fosfato de clase III.

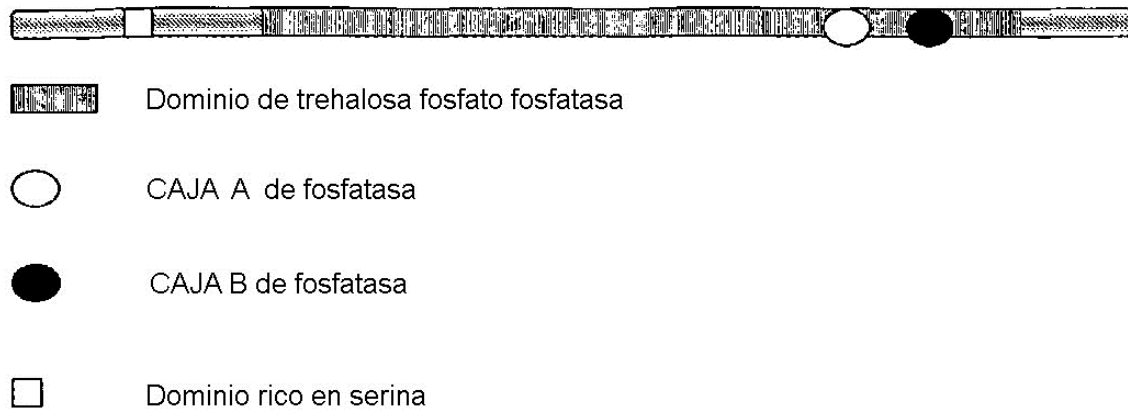


FIGURA 1

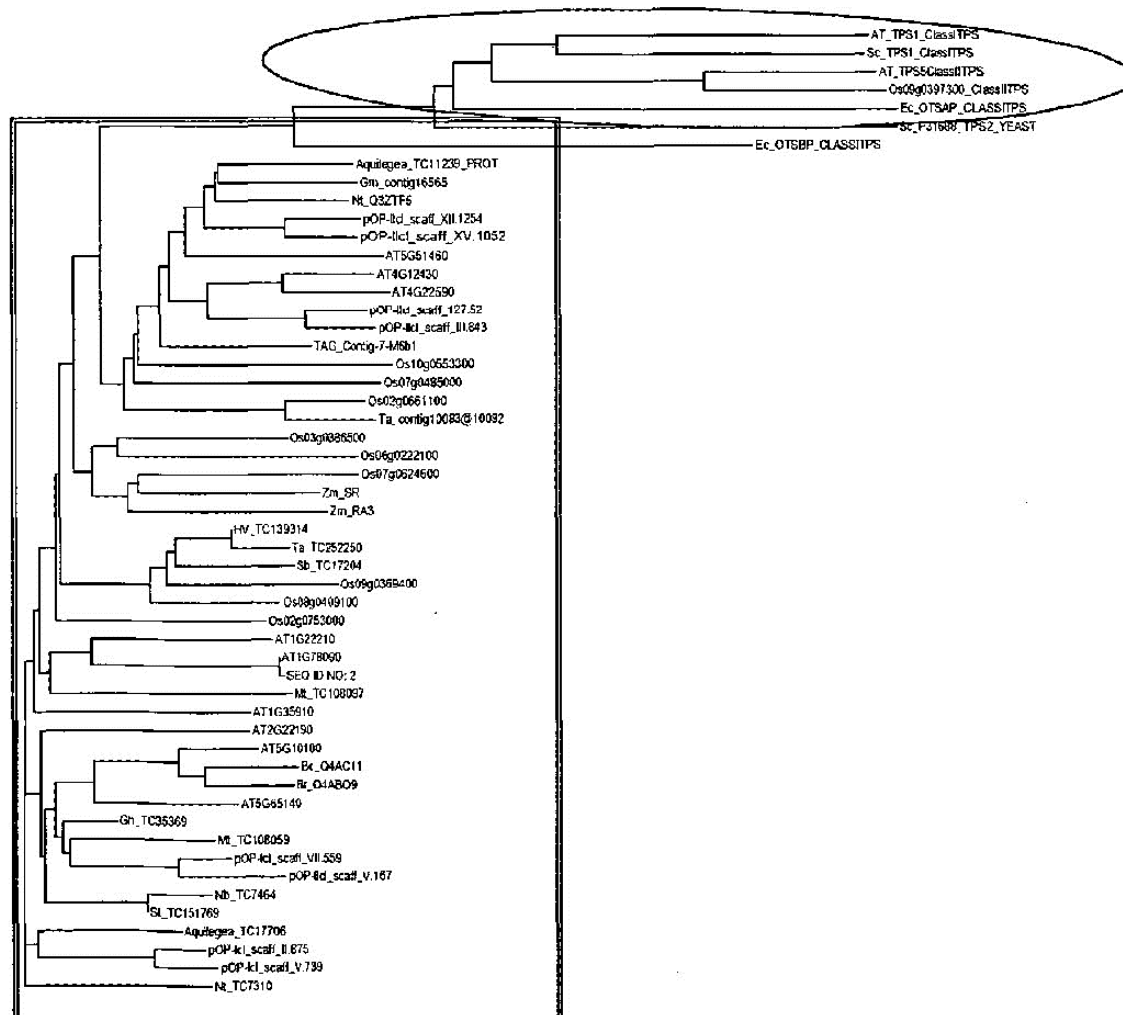


FIGURA 2A

	1	50
Zm_ABD92780	(1) ----MTKRTAFAAADDAIIAAAAVTSQFGRFRFTSYPP-----	
Zm_ABD92779	(1) ----MTKHAAYSSSDVVAAVAAPAP--AGRHFTSFQAL-----	
Sv_ABD92784.1	(1) ----MTKHAGYATDEAVTAVAAPAP--AGLHFSPPFPF-----	
SEC ID 2	(1) ----MTNQNVTSIDRKPIELGLKTI TVSVSNSPLFSNSF-----PT	
Os10g0553300	(1) MDLKTS--NSPVADPLPKLALPSAVMTYT--T-PTSFPST-----GL	
Os09g0369400	(1) ----MAKASVVPFQVGA AAAAQVGCPCPGTTLFPYPPP-----R	
Os08g0409100	(1) ----MTKQSVVQPEVA---VP----MPPNSAPLLPYPPPR-----AA	
Os07g0624600	(1) ----MTNHAGFAADDAVTAAPVQAAQGGRRHFPFLAPS-----	
Os07g0485000	(1) MGSCGNGRSSEYDDPASLEKMEELVLPLK-----	
Os03g0386500	(1) -----	
Os02g0753000	(1) ----MTNQDVVISEMGIAAGAALPGGPAGPAGGLFACRS---AAASMRQT	
Os02g0661100	(1) MDLSNS--SPVITDPVAISQQLGGLPSNLMQFSVMPGGY-----S-	
Nt_Q3ZTF5	(1) MDLKSNTSPVITDPVAP--MTQSRLGTHSA--LMPYSPTG-----	
Br_Q4ABQ9	(1) ----MVSVVVEKPQRMNSG--VVSETRLSIIPNNS-----	
Bc_Q4AC11	(1) -----MEKPNRMSESONVVVSEAARSIIPNNS-----APPG	
AT5G65140	(1) ----MVSONVVSDAKTGIITVSTVSNSSVFTPTAQK---PP---TAPG	
AT5G51460	(1) MDMKSGHSSPNTISPP--ISNSRLTIRQN--RLPYSSAAA-----TA	
AT5G10100	(1) -----MSASQNIIVSETTMSSIIPNNNNNNNNSSSQKLPPC	
AT4G22590	(1) MDLNINKTTPLESPTTPVSKTRLGSSFP--SGRFMMN-----	
AT4G12430	(1) MDLNSNHKSSVTKDPSVSNQSR LGVSS---RFMMS-----	
AT2G22190	(1) -----MRFIEENITKMLETKAISNSEVLVVG-----DD	
AT1G78090	(1) ----MTNQNVTSIDRKPIELGLKTI TVSVSNSPLFSNSF-----PT	
AT1G35910	(1) ----MTNHNAITSDAKGSIGVAVRVPNQS--LFSPGG-----GR	
AT1G22210	(1) -----	
TAG_Contig-7-M6b1	(1) -----	
Ta_contig10083	(1) --MDLSNGSPVTSIDPMSMSQSLMGVLP SNMMPFSVRPGG-----	
Gm_contig16565	(1) -MDLKSNTHTPTIDAPVTKSRLGVHSSLLPYSHAGTT-----	
consenso	(1) VV D	
	51	100
Zm_ABD92780	(34) --ARARGGCRLAPAAAARQATDDPGAAGSNPELVVPR-----	
Zm_ABD92779	(33) --KGAPLDCKKHAADVLSASGA AVVGGGPWFEGMKASSPR--KAA----	
Sv_ABD92784.1	(33) --KVAARDCKKVAALHVDRAAPGGGGGGSNFESITKASSPR--KAA----	
SEC ID 2	(37) YFNFPRRKLLKLEAADKNNLVVAPKITS MIDSMRDSPTRLKSS--SY	
Os10g0553300	(39) YLNTPKK-----KPLPGKIEEVKAAGWLDLMLASSP PRKQTKDFAN	
Os09g0369400	(37) AGIAVRRKCLQAAQQLELGAG---LRGGWUESMRASSP THAKAAAALAA	
Os08g0409100	(32) PGVAVRRKYLQAQLDLGAGLP---LINGWVESMRASSP THAKAAAALAA	
Os07g0624600	(36) --SRLTDCKKAAAHVDLAGAGGVATVPGSMFRHAKFVS-----	
Os07g0485000	(30) -----LMPLHTNGRLYDMLSSPTATCVINSS--	
Os03g0386500	(1) -----MTKHGAVVVPVAAA-----	
Os02g0753000	(44) YLDLAAA AVAARSASCTS-----WADMRASSP TRSSRS-----	
Os02g0661100	(40) -----SS---CMNVGVSR LKIEEVLVNCLLDAMKSSSP--RRKLNVAFC	
Nt_Q3ZTF5	(36) ATFSPTLF---LTIPRKKPGILDVKSNTWLDAMKSSSP THSKKNKDSNA	
Br_Q4ABQ9	(31) --SSAQKT---LLKNLEIINGG--QRVNAWDSMRASSP THLKSLP----	
Bc_Q4AC11	(33) FISISKKK---LLKNLEIINDG--FRINAWDSMRASSP THPKSLP----	
AT5G65140	(40) YISVSKKK---LLKNLEINGADQSQRLNSWDSMRASSP THLKSLS----	
AT5G51460	(40) ISQNNNLL---LTVPRKKTGILDVKSNGWLDAMKSSSP PTILNKDN--	
AT5G10100	(37) LISISKKK---LLKNIDIINGGG--QRINAWDSMRASSP THLKSLP----	
AT4G22590	(37) -S-----RKKIPKLDDVKSNGWLDAMISSSP PRKRLVKDFNI	
AT4G12430	(34) -Q-----WKKPAKLDDVKSNGWLDAMISSSP PRKRLVKDFNV	
AT2G22190	(31) GDTSPPTK---VLHDFQINSGGG--LIRSWVDSMRASSP TRPKSFN----	
AT1G78090	(37) YFNFPRRKLLKLEAADKNNLVVAPKITS MIDSMRDSPTRLKSS--SY	
AT1G35910	(34) YISIPRK-----KLQKLEADPSQTHITWLEAMRASSP TRTPGNI-SP	
AT1G22210	(1) -----MKITDISGKIETLUDSLRDMSPTRVSS--FSD	
TAG_Contig-7-M6b1	(1) -----MKSSSPRNVLKNNATDL	
Ta_contig10083	(38) -----YSGAGGAGVNVSRRKIEEVLVSGLDAMKSSSP RKKNVVFQGE	
Gm_contig16565	(38) -----FTHGMLLTIPRKKTGILEDVSSGWLDMKSSSPARKITKDVGH	
consenso	(51) R WLDMSMRASSPT R	

FIGURA 2B

	101	150
Zm_ABD92780 (69)	-----HADFD ~~DD~~ MEK-----	
Zm_ABD92779 (74)	-----DAEHGD ~~DD~~ MEK-----	
Sv_ABD92784.1 (74)	-----DAEHGD ~~DD~~ MEK-----	
SEC ID 2 (84)	---D---SVSDNDD-KT-----	-----SWIV ~~E~~
Os10g0553300 (81)	DVQADELELLYRN ~~W~~	-----VN
Os09g0369400 (83)	---G---VDEEHA ~~AM~~ VRFRSPIDRCSSRSWRARADTDMNRAFPFVFO ~~AR~~	
Os08g0409100 (78)	---AGAV ~~DD~~ DERAA ~~W~~ VR	
Os07g0624600 (72)	-----GAELDD ~~DD~~ MEK-----	
Os07g0485000 (57)	---SGSF ~~DD~~ PIYRA ~~W~~ T-----	-----K ~~K~~
Os03g0386500 (15)	-----AADA ~~EH~~ DE ~~W~~ ME-----	-----K
Os02g0753000 (78)	-----AS ~~DD~~ VDEFTAWVR-----	-----K
Os02g0661100 (80)	DNSSEED ~~DD~~ PAYSAM-----	-----AK
Nt_Q3ZTF5 (83)	ELTANES ~~DD~~ LAYRI ~~W~~ M-----	-----LK
Br_Q4ABQ9 (70)	-----SSVSSEK ~~HL~~ S-----	-----SWIMQ
Bc_Q4AC11 (74)	-----SSISSEQ ~~QL~~ S-----	-----SWIMQ
AT5G65140 (83)	-----SFSS-EEHN-----	-----SWIK ~~R~~
AT5G51460 (85)	-LSNDAT ~~DD~~ MTYRE ~~W~~ W-----	-----LK
AT5G10100 (79)	-----SSISTQ ~~QL~~ LN-----	-----SWIMQ
AT4G22590 (73)	-EIAPED ~~DD~~ FSQRA ~~W~~ M-----	-----LK
AT4G12430 (70)	-EVAPED ~~DD~~ FAQRA ~~W~~ M-----	-----VK
AT2G22190 (72)	-----SQS-----	-----CWIKE
AT1G78090 (84)	---D---SVSDNDD-KT-----	-----SWIV ~~E~~
AT1G35910 (78)	---L---PESDEEDEYS-----	-----SWMAQ
AT1G22210 (32)	---E---HVSSEND ~~DD~~ ERS-----	-----SWIAL
TAG_Contig-7-M6b1 (18)	-----SN ~~DD~~ VAYRN ~~W~~ M-----	-----LK
Ta_contig10083 (82)	--NLPEED ~~DD~~ PAYSAM-----	-----AK
Gm_contig16565 (83)	GFASSD ~~DD~~ SETAGAY ~~W~~ SWL-----	-----LK
consenso (101)	D WM	K
	151	200
Zm_ABD92780 (79)	HPSAIAA ~~FE~~ SVLAA ~~AK~~ KKIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ SAVMSSEMRDA-	
Zm_ABD92779 (84)	HPSAIAQ ~~FE~~ EPILAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAVMSSEMRDA-	
Sv_ABD92784.1 (84)	HPSAIA ~~W~~ TEPALAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAVMSSEMRDA-	
SEC ID 2 (99)	FPSALNM ~~FE~~ DEIVNAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAFITHEMR ~~EV~~	
Os10g0553300 (98)	HPSALTS ~~FE~~ EDI ~~W~~ NLARG ~~KK~~ IA ~~AF~~ F ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ EN ~~DD~~ PNAVMSSEMRDA-	
Os09g0369400 (128)	HPSALGE ~~FE~~ FKIVAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ DD ~~DD~~ RAAFMSSETVSLSS	
Os08g0409100 (92)	HPSALSK ~~FE~~ EQIVAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ DD ~~DD~~ RAAFMSSETVSLSS	
Os07g0624600 (82)	HPSALAW ~~FE~~ SVAA ~~AK~~ SKKEIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
Os07g0485000 (71)	HPSALNA ~~FE~~ EDHIVAY ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ NAIMSDQMR ~~EV~~	
Os03g0386500 (27)	HPSALGK ~~FE~~ EALAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAVMSSEMRDA-	
Os02g0753000 (91)	HPSALSK ~~FE~~ EELAA ~~AK~~ SKGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ TA ~~W~~ MSSEMRDA-	
Os02g0661100 (97)	CPSALASE ~~FE~~ KQIVAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAVMSSEMRDA-	
Nt_Q3ZTF5 (100)	HPSALSS ~~FE~~ EQITN ~~YAK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
Br_Q4ABQ9 (85)	HPSALEM ~~FE~~ FKITO ~~AK~~ SGGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAFMSSEMRDA-	
Bc_Q4AC11 (89)	HPSALEM ~~FE~~ FKITE ~~AK~~ SGGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT5G65140 (97)	HPSALNM ~~FE~~ ERITE ~~AK~~ SGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT5G51460 (102)	HPSALTS ~~FE~~ PKIMS ~~FAK~~ SKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ CA ~~W~~ MSSEMRDA-	
AT5G10100 (94)	HPSALEK ~~FE~~ EQIME ~~AK~~ SGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAFMSSEMRDA-	
AT4G22590 (89)	HPSALTS ~~FE~~ FAHTAA ~~AK~~ KKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT4G12430 (86)	HPSALSS ~~FE~~ FAHTAA ~~AK~~ KKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT2G22190 (80)	HPSALNM ~~FE~~ DEILHK ~~SE~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT1G78090 (99)	FPSALNM ~~FE~~ DEIVNAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAFITHEMR ~~EV~~	
AT1G35910 (94)	HPSALTM ~~FE~~ DEIAEA ~~AK~~ SGKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSSEMRDA-	
AT1G22210 (48)	HPSALDM ~~FE~~ EQIMRDA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSLITE ~~HD~~ RAYITHEMR ~~EV~~	
TAG_Contig-7-M6b1 (30)	HPSALASIE ~~Q~~ IANNA ~~AK~~ SKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ HA ~~W~~ MSSEMRDA-	
Ta_contig10083 (97)	CPSALASE ~~FE~~ KQIVAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ KAVMSSEMRDA-	
Gm_contig16565 (102)	HPSALASE ~~FE~~ EQITN ~~YAK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ CA ~~W~~ MSSEMRDA-	
consenso (151)	HPSAL FE IVAA ~~AK~~ GKQIVMF ~~DD~~ YDGTLSPIV ~~DD~~ PD ~~DD~~ RAAFMSD MR A	

FIGURA 2B (continuación)

		201		250
Zm_ABD92780	(128)	-----	VRGVAEHTPTAIVSGRCRDKVN	
Zm_ABD92779	(133)	-----	VRVVAEHTPTAIVSGRCRDKVN	
Sv_ABD92784.1	(133)	-----	VRVVAEHTPTAIVSGRCRDKVN	
SEC ID 2	(148)	-----	VKDVASNTPTAIVTGRSIEKVRSE	
Os10g0553300	(147)	-----	VKHVASLPTAIVLSGRSRDKVDE	
Os09g0369400	(178)	PPLSPTLLHSSSSHTSLLPHQMRMAV	SVAKHEPTAIVSGRCRDKVEE	
Os08g0409100	(140)	-----	AVESVAKHEPTAIVSGRCRDKVEE	
Os07g0624600	(131)	-----	VRGVAKHEPTAIVSGRCIDKVEE	
Os07g0485000	(120)	-----	VRNAALHPTAIVLSGRSRDKVDE	
Os03g0386500	(76)	-----	VRGVAAREPTAIVSGRCRDKVLSE	
Os02g0753000	(140)	-----	VREVAHTPTAIVSGRCRDKVRNE	
Os02g0661100	(146)	-----	VRNVAKYPTAIVSGRSRDKVLEF	
Nt_Q32TF5	(149)	-----	VRNVAKYPTAIVSGRSRDKVLEF	
Br_Q4ABQ9	(134)	-----	VKKLAKCPTAIVTGRCLDKVNE	
Bc_Q4AC11	(138)	-----	VKKLAKCPTAIVTGRCLDKVNE	
AT5G65140	(146)	-----	VKKLAKCPTAIVTGRCLDKVSE	
AT5G51460	(151)	-----	VQNVAKYPTAIVLSGRSRDKVLEF	
AT5G10100	(143)	-----	VKKLAKCPTAIVTGRCLDKVNE	
AT4G22590	(138)	-----	VKDVAKHEPTAIVLSGRSRDKVQL	
AT4G12430	(135)	-----	VKDVASHTPTAIVLSGRSRDKVQL	
AT2G22190	(129)	-----	VKKLAKCPTAIVSGRCREKVSSE	
AT1G78090	(148)	-----	VKDVASNTPTAIVTGRSIEKVRSE	
AT1G35910	(143)	-----	VRGVARYPTAIVTGRCRDKVRSE	
AT1G22210	(97)	-----	VREVAHTPTAIVLSGRSTDKVQSE	
TAG_Contig-7-M6b1	(79)	-----	VRNVAKYPTAIVLSGRSCEKVKHF	
Ta_contig10083	(146)	-----	VRNVAKYPTAIVSGRSRDKVLEF	
Gm_contig16565	(151)	-----	VKKVAKHEPTAIVLSGRSRDKVQSE	
consenso	(201)		VR VAKYFPTAIVSGRCRDKVY F	
		251		300
Zm_ABD92780	(152)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPTAQS	-----	KHTKAKAG-AALCOQA
Zm_ABD92779	(157)	VKLAEIYYAGSHGMDIQGPAAACRQP	-----	NHVQQAEEAAAHXQAA
Sv_ABD92784.1	(157)	VKLAEIYYAGSHGMDIEGPAKQSN	-----	KHVQANAEEAAHXQAA
SEC ID 2	(172)	VQVNEIYYAGSHGMDIEGPTNEN	-----	SNGQSNERNVLFQQA
Os10g0553300	(171)	VKLAEIYYAGSHGMDIMGPVRKSDSSGQHVCEIRSTDSE	-GKEVNLFOQA	
Os09g0369400	(228)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPASRHAAKSP	-----	HNKGVLFOQA
Os08g0409100	(165)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPASRHNKAK	-----	AKGVLFOQA
Os07g0624600	(155)	VKLAEIYYAGSHGMDIRGPTAAASEYN	-----	HNMKAKQGDAYTFOQA
Os07g0485000	(144)	VKLAEIYYAGSHGMDIMGPVGEHDSVTNHRSSINSNRKQ	-GKGVLFOQA	
Os03g0386500	(100)	VGLEEIYYAGSHGMDIQGPETNAAA-SK	-----	GGEEEEESVLCQA
Os02g0753000	(164)	VGLESDIYYAGSHGMDIKGPS	-----	SNPESALCOQA
Os02g0661100	(170)	VKLKELYYAGSHGMDIMGPANHEHSAEKS	-----	KQANLFOQA
Nt_Q32TF5	(173)	VGLAEIYYAGSHGMDIMGPVR--SVSDSYS-CIRSTNKQ	-GKEVNLFOQA	
Br_Q4ABQ9	(158)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPAGKFS	-----	RHKRVKQSLYQQA
Bc_Q4AC11	(162)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPAGKFS	-----	RHKRVKQSLYQQA
AT5G65140	(170)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPATKFS	-----	RYNKDKPSTLYQQA
AT5G51460	(175)	VNLESEIYYAGSHGMDIMSPAGE-SLNHEHSRTVSVEY	-Q-GKEVNLFOQA	
AT5G10100	(167)	VKLAEIYYAGSHGMDIKGPAGKFS	-----	RHKRVKQSLYQQA
AT4G22590	(162)	VGLTEIYYAGSHGMDIMGPVNPN-GSPEDPNCIKTDDQ	-GKEVNLFOQA	
AT4G12430	(159)	VGLTEIYYAGSHGMDIMTSS	-----	DGPNCFKSTDDQ-GKEVNLFOQA
AT2G22190	(153)	VKLTEIYYAGSHGMDIKGPEQGS	-----	KYKKENQSLCOQA
AT1G78090	(172)	VQVNEIYYAGSHGMDIEGPTNEN	-----	SNGQSNERNVLFQQA
AT1G35910	(167)	VKLPGIYYAGSHGMDIKGPSKRN	-----	KHNKNKGVLFQQA
AT1G22210	(121)	VKLTEIYYAGSHGMDIKGPTNTD	-----	QSNQ--EEVMEQQA
TAG_Contig-7-M6b1	(103)	VGLKELYYAGSHGMDIMGPVQPPT	-----	DHRIEAIENGLYQQA
Ta_contig10083	(170)	VKLKELCYAGSHGMDIMTSSSAHY	-----	EHNTKKGKANLFOQA
Gm_contig16565	(175)	VGLTEIYYAGSHGMDIIGPVRQSVSDNHPN	-CIRSTDKQKGVNLFOQA	
consenso	(251)	VKL ELYYAGSHGMDI GP		E VLFQQA

FIGURA 2B (continuación)

		301		350
Zm_ABD92780	(190)	RAFLPVIEEVYRALTASTA-P-IPCATVENNKFCLSVHFRVDEKRAPE		
Zm_ABD92779	(198)	SEFLPVIEEVYRILTAKME-STACAKVEHKKYCLSVHFRVDEENNAVN		
Sv_ABD92784.1	(197)	SEFLPVIEEVYRILTAKME-STACAKVEHKKYCLSVHFRVDEENNAVN		
SEC ID 2	(209)	REFLPMIEKVVNILEEETK-WIPGAMVENNKFCLSVHFRVDEKRWPAIA		
Os10g0553300	(220)	SEFLPMIEVYKLLSESI-DIDGARMEDNKFCVSVHYRNVAPHDGEWH		
Os09g0369400	(268)	SEFLPMIEQVHORLEQATS-STPGAKVENNKFCVSVHFRVDEKSWGALA		
Os08g0409100	(203)	SEFLPMIEQVHDSLIERTK-CIPGAKVENNKFCVSVHFRVDEKSWSTLA		
Os07g0624600	(198)	ADELPMIEEVYHVLKERMA-SIRGSLVENNKFCLSVHFRVDEAEWGVED		
Os07g0485000	(193)	TEFLPMINEVFRLLLEETK-AIDGVKIENNKFCVSVHYRNVDEKNKQLVS		
Os03g0386500	(140)	REFLPMIGEAAALVEGVEIPGAKVENNKFCLSVHFRVDEKRWGAVA		
Os02g0753000	(195)	SEFLPMIDEVYKTLVEETK-STPGAKVENNKFCLSVHFRVDEKRWNAIG		
Os02g0661100	(209)	HDFLPMIDEVTKSLIQVVS-GIEGATVENNKFCVSVHYRNVAEKDKLVA		
Nt_Q3ZTF5	(219)	GEFLPMIDEVFRSLIELTK-DITGAKVENNKFCVSVHYRNVDEKSWSAIG		
Br_Q4ABQ9	(196)	SDYLPNIDEVYKQLLEETK-STPGVIVENHKKFTASVHFRVDEKRWSEIV		
Bc_Q4AC11	(200)	SDYLPNIDEVYKQLLEETK-STPGVIVENHKKFTASVHFRVDEKRWSEIV		
AT5G65140	(208)	GDYLPNIDEVYKQLLEETK-STPGAKVENNKFCLSVHFRVDEKRWSELA		
AT5G51460	(222)	SEFLPMIDKVLCSLIEESTK-DIKGVKVEDNKFCISVHYRNVDEKNWTLVA		
AT5G10100	(205)	NDYLPNIDEVYKQLLEETK-STPGAKVENHKKFTASVHFRVDEKRWSEIV		
AT4G22590	(210)	KETLPVIEEVYNNLVEITK-CIKGAKVENHKKFTSVHYRNVDEKDWPLVA		
AT4G12430	(201)	REFLPVIDEVYHLLVEETK-DIKGAKVENHKKFTASVHYRNVDEKDWPLVA		
AT2G22190	(190)	TEFLPVINEVYKLLVENTQ-STPGAKVENNKFCASVHFRVDEKNKSDLA		
AT1G78090	(209)	REFLPMIEKVVNILEEETK-WIPGAMVENNKFCLSVHFRVDEKRWPAIA		
AT1G35910	(204)	NDFLPMIDKVSCHLVEETK-DIEGANVENNKFCVSVHYRNVDEKDWGLVA		
AT1G22210	(156)	SDYLPNIDEVYNNLVEETK-STPGATVEHKKFTLVHFRVDEKDWAAALA		
TAG Contig-7-M6b1	(142)	SEFLPMINEVYVSLVEITK-DIEGAKVEDNKFCVSVHYRNVDEKNWTLVA		
Ta_contig10083	(210)	REFLPMIDEVSKALLEVTS-GIEGASVEDNKFCVSVHYRNVDEKDWELVA		
Gm_contig16565	(223)	AEFLPMINEVYVSLVEETK-DIKGAKVENNKFCVSVHYRNVDEKYNWVG		
consenso	(301)	EFLPMIDEVYK LVEETK I GAKVENNKFCLSVHFR VDEK W LA		
		351		400
Zm_ABD92780	(239)	EQVRSVLKLEYPDRLRLTHGRKVLEIRPSIKWDKGKALFLLKSLG		-----
Zm_ABD92779	(247)	EEVRSVLKLEYPNLRLTHGRKVLEIRPSIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
Sv_ABD92784.1	(246)	EEVRSVLKLEYPDRLRLTHGRKVLEIRPSIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
SEC ID 2	(258)	EVVRSVLIDYPKLRLTHGRKVLEIRPTIKWDKGKALFLLKSLG		-----
Os10g0553300	(269)	QRVTAVLNYPCLRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
Os09g0369400	(317)	ETVRSVLKLEYPDRLRLTHGRKVLEIRPTIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
Os08g0409100	(252)	DIYKAEIKDYPRKRLTHGRMVFEIRPTIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
Os07g0624600	(247)	GKVTAVIEGYPDRLRLTHGRKVLEIRPVIDWDKGKALFLLKSLG		-----
Os07g0485000	(242)	QCTNDVLEVPRLRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
Os03g0386500	(190)	DOYRANLEGYPRRLTHGRKVLEIRPAIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
Os02g0753000	(244)	EQVKAVIKLEYPKLRLTHGRKVLEIRPSIEWDKGKALEFLLKSLG		-----
Os02g0661100	(258)	RLVNEVLEAFPRKRLTHGRMVFEIRPVIDWDKGKAVEFLLKSLG		-----
Nt_Q3ZTF5	(268)	ESVDEILKHYPRRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
Br_Q4ABQ9	(245)	LQVRSVLKLEYPTLRLTHGRKVFEIRPMIDWDKGKALEFLLKSLG		-----
Bc_Q4AC11	(249)	LQVRSVLKLEYPTLRLTHGRKVFEIRPMIEWDKGKALEFLLKSLG		-----
AT5G65140	(257)	SKVRSVLKLEYPTLRLTHGRKVFEIRPMIEWDKGKALEFLLKSLG		-----
AT5G51460	(271)	QCVDDVIRTYPRRLTHGRKVLEIRPVIDWDKGKAVEFLLKSLG		-----
AT5G10100	(254)	LQVRSVLKLEYPTLRLTHGRKVFEIRPMIEWDKGKALEFLLKSLG		-----
AT4G22590	(259)	QRVHDHLKRYPRRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
AT4G12430	(250)	QRVHDHLKRYPRRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
AT2G22190	(239)	HOVRSVLKLEYPKLRLTHGRKVLEIRPMIEWDKGKALEFLLKSLG		-----
AT1G78090	(258)	EVVRSVLIDYPKLRLTHGRKVLEIRPTIKWDKGKALFLLKSLG		-----
AT1G35910	(253)	EHVTSVLSEYPKLRLTHGRKVLEIRPTIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
AT1G22210	(205)	EQVRSVLIDYPKLRLTHGRKVLEIRPSIKWDKGKALEFLLKSLG		-----
TAG Contig-7-M6b1	(191)	QCVDDVIRTYPRRLTHGRMVLEIRPVIDWDKGKAVEFLLKSLG		-----
Ta_contig10083	(259)	RLVNEVLEAFPRKRLTHGRMVLEIRPVIDWDKGKAVEFLLKSLG		-----
Gm_contig16565	(272)	QHVHDHLKRYPRRLTHGRKVLEIRPVIDWNKGKAVEFLLKSLG		-----
consenso	(351)	VRSVLK YPRRLTHGRKVLEIRPVI WDKGKALEFLLKSLG		

FIGURA 2B (continuación)

		401		450
Zm_ABD92780	(283)	---FAGSNSVFPIYIGDDSTDEDAFKVLRLN- GQIGILVSKIPKETRAS		
Zm_ABD92779	(291)	---FAGRNDVFPIYIGDDRTDEDAFKVLRLNM- GQIGILVSKLPKETAAS		
Sv_ABD92784.1	(290)	---FAGRSDFPIYIGDDRTDEDAFKVLRLGM- GQIGILVSKFPKETAAS		
SEC ID 2	(302)	---FENSDDVPVYIGDDRTDEDAFKVLRLER- GQEGILVSKVPKDTNAS		
Os10g0553300	(313)	---LOGKEDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLAN- SIGGILVSSVVPKDTDAF		
Os09g0369400	(361)	---FADCSDFLPVYIGDDRTDEDAFKVLRLR- GQGVGILVSKHPKETSAS		
Os08g0409100	(296)	---FADCTNVLPVYIGDDRTDEDAFKVLRLK- GQIGILVSKYPKDTNAS		
Os07g0624600	(291)	---FEGRNVPFPIYIGDDRTDEDAFKVLRLNM- GQIGILVSKVPKETAAS		
Os07g0485000	(286)	---LASCKNVLPYIGDDCTDEDAFKVLRLDD- KRGGILVSSVVPKDSHAL		
Os03g0386500	(240)	VEDDGDGDDDAFPIYIGDDRTDEDAFKVLRLR- GHGAGILVSPFPKDTCAS		
Os02g0753000	(288)	---FANCGDVPVYIGDDRTDEDAFKVLRLK- GQGLGILVSKCPKDTNAS		
Os02g0661100	(302)	---LNDSENVPIYIGDDRTDEDAFKVLRLR- NCGGILVSOVPKETEAF		
Nt_Q3ZTF5	(312)	---LKNCDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLRG- NKGILVSSAPKESAF		
Br_Q4ABQ9	(289)	---FGNSNVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRLV- GEGGILVSKFPKDTAS		
Bc_Q4AC11	(293)	---FGNSNVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRLR- GEGCGILVSKFPKDTAS		
AT5G65140	(301)	---FENCNVFPPIYIGDDRTDEDAFKVLRLG- GQEGILVSKFPKETSAS		
AT5G51460	(315)	---LNNCEDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLDGP- NHCYGLVSAVPKDSNAF		
AT5G10100	(298)	---FGNTNVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRLR- GEGGILVSKFPKDTAS		
AT4G22590	(303)	---LSNNDVFPPIYIGDDRTDEDAFKVLRLG- NRGGILVSSVVPKESNAF		
AT4G12430	(294)	---LSNKKDLPIYIGDDRTDEDAFKVLRLG- NRGGILVSSIPKESNAF		
AT2G22190	(283)	---YDNCTDVPPIYIGDDRTDEDAFKVLRLR- KQGLGILVSKYAKETNAS		
AT1G78090	(302)	---FENSDDVPVYIGDDRTDEDAFKVLRLR- GQEGILVSKVPKDTNAS		
AT1G35910	(297)	---FANSNDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLN- GQEGILVSKIPKETASAT		
AT1G22210	(249)	---IAESKDVLPVYIGDDRTDEDAFKVLRLC- GQGGILVSKTIKETAS		
TAG_Contig-7-M6b1	(235)	---LSKCDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLG- SLGGILVTPAPKESAY		
Ta_contig10083	(303)	---LSDSENVPIYIGDDRTDEDAFKVLRLR- NCGGILVSOVPKETEAF		
Gm_contig16565	(316)	---LNNCDVLPYIGDDRTDEDAFKVLRLG- NKGILVSSAPKESNAI		
consenso	(401)	F N DVLPIYIGDDRTDEDAFKVLRLR G GFGILVSK PKET AS		
		451		500
Zm_ABD92780	(329)	YSLRDPSEVMEFLRKLYSWSKESRQD-----		
Zm_ABD92779	(337)	YSLSDPAEVKEFLRKLIANKKGARQP-----		
Sv_ABD92784.1	(336)	YXLRD-----		
SEC ID 2	(348)	YSLQDPSEVQNK----FLERLVEWKRKTVGEE-----		
Os10g0553300	(359)	YSVRDPAEVMEFLKKLASWKEEST-----		
Os09g0369400	(407)	YSLQEPAEIKKSSVHYPLPAQRSNRLNRLVNWGEGLKDKLCALEPSHE		
Os08g0409100	(342)	YSLQEPAEV----MEFLRLVEWERLSRARPKW-----		
Os07g0624600	(337)	YTLRDPSEVKEFLRKLYKIKINGDKGLIGK-----		
Os07g0485000	(332)	YSLIDPSEVMEFLKRLVMWKNEEASHNK-----		
Os03g0386500	(289)	YSLRDPGEVKEFLRKLYTCAA-----		
Os02g0753000	(334)	YSLQDPTEVMEFLRLVEWKRKSSSSSLMIRPV-----		
Os02g0661100	(348)	YSLRDPSEVMEFLNFLVRWKKHSV-----		
Nt_Q3ZTF5	(358)	YSLRDPSEVMEFLKCLYSWKKSSGFSY-----		
Br_Q4ABQ9	(335)	YSLQDPSEASP----HTRILYLSVPKYKMFSTRADL-----		
Bc_Q4AC11	(339)	YSLQDPSEASD----EFLATIGGVETNAAKSVKRMV-----		
AT5G65140	(347)	YSLQDPPEVMN----FEGRLVEWKQMQQ-----		
AT5G51460	(362)	YSLRDPSEVMEFLKSLYTWKRSMG-----		
AT5G10100	(344)	YSLQDPSEVMD----FLRRLVEWKQMQPRM-----		
AT4G22590	(349)	YSLRDPSEVKKFLKTLVKWGMKMESSKTSF-----		
AT4G12430	(340)	YSLRDPSEVKKFLKTLVKWAKLEKNSTGF-----		
AT2G22190	(329)	YSLQEPDEVMV----FLERLVEWKQSRCGA-----		
AT1G78090	(348)	YSLQDPSEVQNK----FLERLVEWKRKTVGEE-----		
AT1G35910	(343)	YSLQDPSEVGE----FLQRLVEWKQMSLRGR-----		
AT1G22210	(295)	YSLQDPSEVKE----FLERLVKWKQTLGE-----		
TAG_Contig-7-M6b1	(281)	YSLRDPSEVMEFLNLLVMHKKSV-----		
Ta_contig10083	(349)	YSLRDPSEVMEFLNLLVRWKKHSL-----		
Gm_contig16565	(362)	YSLRDPSEVMEFLKSLYLWKSSTLKSLL-----		
consenso	(451)	YSL DPSEV EFL LV		

FIGURA 2B (continuación)

		501
Zm_ABD92780	(356)	-----
Zm_ABD92779	(362)	-----
Sv_ABD92784.1	(341)	-----
SEC ID 2	(375)	-----
Os10g0553300	(383)	-----
Os09g0369400	(457)	REGCMAPH
Os08g0409100	(371)	-----
Os07g0624600	(367)	-----
Os07g0485000	(360)	-----
Os03g0386500	(311)	-----
Os02g0753000	(368)	-----
Os02g0661100	(372)	-----
Nt_Q3ZTF5	(385)	-----
Br_Q4ABQ9	(366)	-----
Bc_Q4AC11	(372)	-----
AT5G65140	(371)	-----
AT5G51460	(386)	-----
AT5G10100	(370)	-----
AT4G22590	(378)	-----
AT4G12430	(369)	-----
AT2G22190	(355)	-----
AT1G78090	(375)	-----
AT1G35910	(370)	-----
AT1G22210	(321)	-----
TAG_Contig-7-M6b1	(305)	-----
Ta_contig10083	(373)	-----
Gm_contig16565	(390)	-----
consenso	(501)	

FIGURA 2B (continuación)

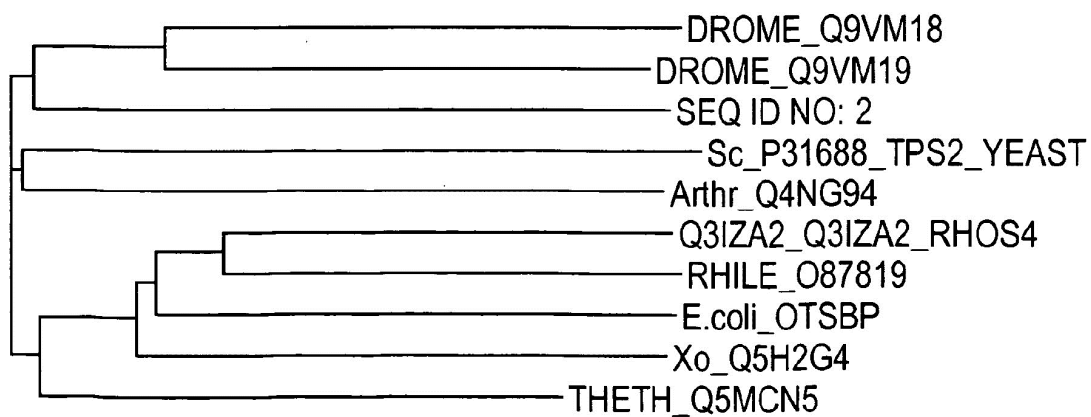


FIGURA 2C

	1	50
DROME_Q9VM18	(1)	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(1)	MTTTAQDNSPKKRQRI INCVTQLPYKIQLGESNDDWKISATTGNSALFSS
Arthr_Q4NG94	(1)	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----
RHILE_Q87819	(1)	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----
sec ID 2	(1)	-----
consenso	(1)	-----
	51	100
DROME_Q9VM18	(1)	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(51)	LEYLQFDSTEYEQHVVGWGTGEITRTERNLFTREAKEKPPQDLDDDDPLYLTK
Arthr_Q4NG94	(1)	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----
RHILE_Q87819	(1)	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----
sec ID 2	(1)	-----
consenso	(51)	-----
	101	150
DROME_Q9VM18	(1)	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(101)	EQINGLTTLQDHMKSDKEAKTDTTQTAPVTNNVHPVWLLRKNQSRWRNY
Arthr_Q4NG94	(1)	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----
RHILE_Q87819	(1)	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----
sec ID 2	(1)	-----
consenso	(101)	-----
	151	200
DROME_Q9VM18	(1)	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(151)	AEKVIWPTFHYILNPSNEGEQEKNWWYDYVKFNEAYAQKIGEVYRKGDII
Arthr_Q4NG94	(1)	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----
RHILE_Q87819	(1)	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----
sec ID 2	(1)	-----
consenso	(151)	-----

FIGURA 2D

		201	250
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(201)	WIHDYYLLLLPQLLRMKFNDESIIGYFHHAPWPSNEYFRCLPRRKQILD	
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q31ZA2_Q31ZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	-----	-----
consenso	(201)	-----	-----
		251	300
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(251)	GLVGANRICFQNESFSRHFVSSCKRLLDATAKSKNSSNSDQYQVSVYGG	
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q31ZA2_Q31ZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	-----	-----
consenso	(251)	-----	-----
		301	350
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(301)	DVLVDSLPIGVNTTQILKDAFTKDIDSKVLSIKQAYQNKKIIIGRDLDS	
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q31ZA2_Q31ZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	-----	-----
consenso	(301)	-----	-----
		351	400
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(351)	VRGVVQKLRAFETFLAMYPEWRDQVVLIQVSSPTANRNSPQTIRLEQQVM	
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q31ZA2_Q31ZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	-----	-----
consenso	(351)	-----	-----
		401	450
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(401)	ELVNSINSEYGNLNFSPVQHYMRIPKDVYLSLLRVADLCLITSVRDGMN	
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q31ZA2_Q31ZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	-----	-----
consenso	(401)	-----	-----

FIGURA 2D (continuación)

		451	500
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(451)	TTALEYVTVKSHMSNFLCYGNPLILSEFSGSSNVLKDAIVVNPWDSVAVA	-----
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----	-----
RHILE_O87819	(1)	-----	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(1)	----MTNQNVIVSDRKPILGLKTITVSVNSPLFSNSFPTYFNFPRKLL	-----
consenso	(451)	-----	-----
		501	550
DROME_Q9VM18	(1)	-----	-----MAEQKKAPL
DROME_Q9VM19	(1)	-----	-----MPEKQVAPV
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(501)	KSINMALKLDKEEKSNNLESKLWKEVPTIQDWTNKLFLSSLKEQASSNDME	-----
Arthr_Q4NG94	(1)	-----	-----MTPDAAPGK
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(1)	-----	-----MHQFALH
RHILE_O87819	(1)	-----	-----MQSLENA
THETH_Q5MCN5	(1)	-----	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-----	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----	-----
sec ID 2	(47)	KLLEAADKNNLVVAPKITSMIDSMRDSSPTRLRSSSYDSVSDNDKTSWI	-----
consenso	(501)	-----	-----
		551	600
DROME_Q9VM18	(10)	LKREEDYVKAEGFINPETQVALLLDYDTLALLTEELS--VMPKDEI	-----
DROME_Q9VM19	(10)	ISNLEDFANNEPGYL-ISESPVAVILLNDGTLPALANNAKTKMVELEA	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(551)	RKMTFALNRPYLEENYKQAMRRLFLFDYDGTETETVDEAAAIPSARYT	-----
Arthr_Q4NG94	(10)	APLTLOPELLAALKKVAATSHLLVAMDEGTISFLDHAADARPLPSAA	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(8)	PDQDDGAAVLRSALR-DAPDEWALFEDILGTVDIABORGDVRAASLPQ	-----
RHILE_O87819	(8)	VQDDDATQEMSLVL-EEPHWMLLDIDGTALNLAPTDEAIEMPEALPG	-----
THETH_Q5MCN5	(1)	-----MRANPVEFLNDGTALNLAQREEEAFPHPEAPR	-----
Xo_Q5H2G4	(1)	-NPMADAPPPSPFP-LLDQACALFLVDCTEIDFESPEAVRPLPKVRE	-----
E.coli_OTSBP	(1)	-----MTEPTETP-ELSAKYAWFFLDGTAEKPHEDQVVVDPNLEQ	-----
sec ID 2	(97)	VRFPSALNMFDEIVNAAGKQIVVITDYDNLSETVEDDPAKATHEHRE	-----
consenso	(551)	L D ALFLDYDGTLPAPAE PD V L	-----
		601	650
DROME_Q9VM18	(58)	NTKKYANAKIFNVVPSGREISEKNNHK--FPNVYANNCLEVEYPS	-----
DROME_Q9VM19	(59)	ILHKTAKHPKVFAVLSRGKDKACKOWN--IDGTIYACNEGLTEYPD	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(601)	ILQKICADPHNOIWIIGRDQKFLKWLGGKLPQGLSLAENGCFMVDVSC	-----
Arthr_Q4NG94	(60)	AFAAALALPRTTLLISPAIKSDPAAASP--PETLLIGSHGAEWLGPE	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(57)	DLARLADRLGGALALIGSRDWDIDAHFG--PHLIQAAGLNGVERPAS	-----
RHILE_O87819	(57)	QHHLNENKLGGAALNTGRSLAYADAEFK--EFAYETGLNGAELRNAA	-----
THETH_Q5MCN5	(35)	VIRAGMERHP--VYVETGRVRGLPELEP--LPGLRVGGNGLEGVLF	-----
Xo_Q5H2G4	(49)	ATGLINERLNGAVLVGGRPALQIDAFFA--PILLPAAGLNGHELESVVR	-----
E.coli_OTSBP	(44)	CLQLLETASDGAALALIGRSNVEIDAEFK--PYRFLAEVNGAERDING	-----
sec ID 2	(147)	VYKPLASNFP--TAVTGRSIEKVSVMQ--VNETIYVAGSHCHIEGPTN	-----
consenso	(601)	L KLA LALVSGR L LDALL P LP AG HGLEIR G	-----
		651	700
DROME_Q9VM18	(106)	K-----KFKIEMPELLEKHNLISEKKKVVCS-GAWNDRKKEVT	-----
DROME_Q9VM19	(107)	S-----RHDYELPTEIQKNYTDVREIKERVEKN-GAWTELRKSLT	-----
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(651)	QDWN-----LTEKVDMSQVVRVNEVMEFTTTRTPGFTLEIKVALT	-----
Arthr_Q4NG94	(109)	S-----SELTDPDQTLADVRRILEEIVEQAPQTLLEDKPACVV	-----
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(105)	E-----LDKAGTAPGILN-ALRKDEGRRTAMG---GVLEEDKVAVA	-----
RHILE_O87819	(105)	-----MQTVEATAEPQ-AKKHATTEEAHNYE---GVLEEDKGAVER	-----
THETH_Q5MCN5	(81)	-----EVRPLFPVDEG-----PLRARLPSC---GVREEDKGFALA	-----
Xo_Q5H2G4	(97)	AR-----AAMPQDTSEWTHGELHORAAALTNRHE---GVLEEDKGLSYA	-----
E.coli_OTSBP	(92)	K-----THIVHLPDAARDTSVOLHTYIAQYE---GAELEAKGCFE	-----
sec ID 2	(193)	ENSNQGSNERVLFQPARFETPMTEKYNILEKTKWIPGAMNENKPKLS	-----
consenso	(651)	L ELL L VL L EK P GALVEDK VAVA	-----

FIGURA 2D (continuación)

	701	750
DROME_Q9VM18	(147) YHIEGVTEKLKAKLIAEANGELIOAH-----GFOIETPYALEGKPRVNWD	
DROME_Q9VM19	(148) YHIEDTEAALKDOOKOLAGEICPK-----FQFRANQHEAEZAKPPVNWN	
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(693) WMYERTVPELGEPHAKELNEKLS-FTDDFDLEMDKAMICPP-RFVN	
Arthr_Q4NG94	(150) EHTLKAADVAADAVAAAPALQG----LPNTYERNNGRDETSV-VHAS	
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(143) LHTQAEEREPEVVRAMMEMAKVMG----DHWLQHSAMVETIRP-ASAN	
RHILE_O87819	(142) AHTPLAEPEYKVLADRMHAYAEIAG----PWALGLEAMVFEIRP-ARSS	
THETH_Q5MCN5	(114) LHTFGAEPEEKARACLEAWLKAVEGLLEALGLEALPSEKDEIKP-KGVD	
Xo_Q5H2G4	(137) LHTFAQVAGPEVLAFAQOEIAQL-----SCYRIQPSLHYVEIVP-AGSN	
E.coli_OTSBP	(131) LHTEQAECHEDALMTLAQBITQW----PQNALQOECVVEIKP-RGTS	
sec ID 2	(243) LHTFRVDEKRWPALAEVVESVLEDYP----KLKIQOGRKLEIRTIKWD	
consenso	(701) LHYR APD E K I I GW LQ GK VLELKP	
	751	800
DROME_Q9VM18	(192) KGEAKMIEKEQFDAD-----WAKNLKIEYEDDTDEDAIK	
DROME_Q9VM19	(193) KGEAVYIIEKQKFGDN-----WSQKVSVEACDITDEDAIK	
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(741) KGEIKKRLAWHQHGKPDMLKGISEKLPKDEMPDFVSCDITDEDAIK	
Arthr_Q4NG94	(195) KGEIMAFERQATDAT-----AVTEACDITDEDAIK	
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(188) RGTALAEATEPPFAG-----R---RVAAGDDVDEDAIK	
RHILE_O87819	(187) KGEIEREPQSDPIKKN-----R---CPITGDDLEDAIK	
THETH_Q5MCN5	(163) KGEQMLRIGRHPDH-----TPTVIGDDTLEDAIK	
Xo_Q5H2G4	(181) KGLAVEQLMOHGAFMG-----R---TPTVIGDDLEDAIK	
E.coli_OTSBP	(175) KGEIAAIEQEAFTIG-----R---TPTVIGDDLEDAIK	
sec ID 2	(289) KGEIINFTKSLGVEN-----S-DDVVPVIGDDLEDAIK	
consenso	(751) KGEAL LL F PVFIGDD TDEDAIK	
	801	850
DROME_Q9VM18	(229) VLEGTGK-TFRVSELPT-----LKRYANKIKKTVEENG	
DROME_Q9VM19	(230) VLRGLGR-SFRISADAQ-----IQRYADELPKQAVMT	
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(791) QINLETQWKEKYPDQKNQWGNYGFPVTVGSASKKIVAKAETDPQQL	
Arthr_Q4NG94	(226) RLYPGD-----GVKVL-----DFTQOQVEAPVHLA	
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(221) VVACSG-LSTRICEE-----APILARASASPOAIR	
RHILE_O87819	(220) IAAARSG-VSRGAIG-----APSCATSPSSSALVR	
THETH_Q5MCN5	(194) ALFGRG--LIFRGLG-----PAAQGLKDVVEVL	
Xo_Q5H2G4	(214) AAIRISG-WSLVGR-----VQTSARFVDTGADVH	
E.coli_OTSBP	(208) VVIRISG-MSTRIGTG-----AFQASWAGVPDWW	
sec ID 2	(325) VIKERSQGFCITFSKVP-----KDNASISQDPSQVN	
consenso	(801) VLNLGL SVKVGDT T A FRL V	
	851	900
DROME_Q9VM18	(261) YLEKAYQAYYEKKKKA-----	
DROME_Q9VM19	(262) DLEKWIANVYVS-----	
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(841) ETGLGVGDVSLFQSAGTVDLDSRGHVKNSESSLKSLASKAYVMKRSAS	
Arthr_Q4NG94	(255) ELLETLRERSLAVGEAP-----	
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(253) DLVAELGA-----	
RHILE_O87819	(252) NVIAALAA-----	
THETH_Q5MCN5	(223) AYEQTYLRPTSL-----	
Xo_Q5H2G4	(245) AWQNRARR-----	
E.coli_OTSBP	(238) SWEMITTALQOKRENNRSDYESFSRSI-----	
sec ID 2	(358) KTEREVEWKRKTVGEE-----	
consenso	(851) LL L	
	901	
DROME_Q9VM18	(277) -----	
DROME_Q9VM19	(274) -----	
Sc_P31688_TPS2_YEAST	(891) YTGAKV	
Arthr_Q4NG94	(273) -----	
Q3IZA2_Q3IZA2_RHOS4	(261) -----	
RHILE_O87819	(260) -----	
THETH_Q5MCN5	(235) -----	
Xo_Q5H2G4	(255) -----	
E.coli_OTSBP	(267) -----	
sec ID 2	(375) -----	
consenso	(901) -----	

FIGURA 2D (continuación)

	1	50
Y2006_MYCTU/285-512	(1) FDFEETSDIVEREEATLVLDG-AAEALRAAAQCP--VAVIGEDLAD	
TPSX_SCHPO/684-929	(1) LLYFEETISTWGSQYHNVTSLQRTINLINMETSDPKNTYVETALSCQE	
TPS3_YEAST/753-979	(1) CADYFASKKHIFIFKISEPTSR-MLSLLESESN--NIYYNLSGFTKNT	
TPS2_YEAST/575-822	(1) LFDYDSTLTPIVKDFAAAIIGAR-LYTILOKEADPHNQEWIIGRDQKF	
TPP_ENCCU/506-707	(1) VHDYDSTLNIVAREPMAAPQOE-ISKDLLIREGNICR--VISTGRSVED	
TPP1_SCHPO/568-794	(1) MMDYDSTLTPIVRDFAAVVQKK-LIDNIATADDPKNQWIIIGRDQQF	
SL1_YEAST/819-1055	(1) MEDYQSKFRMFVFNIAEPPESR-MISILNDMISKG-NIYYINISFPKPI	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(1) LDYDGTIMDQD--TLDKRFSDD-LISLENRCDDPSNLAFIVSGGKDP	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(1) QVEAPRGRAPDOIREMKIRLHPS-ISKDIINVLSDPKTTIVILSGSERVA	
Q49734_MYCLE/179-411	(1) FDFEETSLGDTIVDDDSAREPG-ATEALQKATHCP--VALESCEDLAD	
Q00786_EMENI/1-227	(1) MFDYDSTLTPIVKDFQSAIIGDR-VERTLKTADPRNAWIIIGRDQAF	
P93653_ARATH/603-843	(1) PVDN-QGRRGDOIKEMDLNLHPE-ISKGPLKALSDPSTTIVILSGSSRSV	
OTSB_RHISN/33-251	(1) FLIDISTSLDIAETDAVAVVPS-IPASLDHLSKLGGAIAIVTGLDY	
OTSB_ECOLI/18-234	(1) FFDISTSLAEIKPHEDQVVPDN-ILQGLQLATASDGAAITSGSMVE	
O87819_RHILE/31-248	(1) FFDISTSLNLAPTEDAIEVPEA-IPGQLHRSKLGGAIAIVTGLSLAY	
O80738_ARATH/595-830	(1) FLDYDSTIVPET--SIVKDFSAE-VISALKALSDPNTTIVIVSGGKVS	
O65664_ARATH/17-258	(1) FLDYDSTLSPITVDDFDRAFMRK-MRRTVRKINCFP--TAIVSGSIEK	
O64897_ARATH/121-354	(1) FLDYDSTLSPIVEDEDKAFIHE-MREVVKDVASNFP--TAIVTGSIEK	
O64896_ARATH/124-368	(1) FLIDISTLSPIVEELDCAYMSA-MRSAYQNVAKYFP--TAIISGSRDK	
O64608_ARATH/560-795	(1) FLDYDSTIVPES--SIVQDFENE-VISVLKALCEDPNTTIVIVSGGRES	
O50401_MYCTU/145-370	(1) FDFEETSLDIVEDEDAWLP-AGEALQKATHCP--VAVIGEDLAD	
O27788_METTH/24-253	(1) ITDIDISTSEIAPTEEAVVIDE-MRDVLRDIASRYR-VIAITSGFPVRE	
O23617_ARATH/598-833	(1) LDYDGTIVQPG--SIRTFPRE-TEILNLSDDPKNIYYVSGKDRRT	
O14145_SCHPO/579-812	(1) LDYDGTIESARNSIDAVVDR-IVRTLKRASDSRNIIWISGSSQKF	
Consenso	(1) LDYDGTLS I P A PS LL L LAS V IVSGR	
	51	100
Y2006_MYCTU/285-512	(48) -----VRNRVKVDGWLAGEGCFEEVAPDG---SHHQN-----	
TPSX_SCHPO/684-929	(51) LEQLFOR-----EPKLGIVENGCEVSPPKGDATMPVSK-----K	
TPS3_YEAST/753-979	(48) FESLYN-----GVLNAGNIENGAYVRVNG-----	
TPS2_YEAST/575-822	(50) LNKWLGG-----KIPQGLGENGCFMKDVSCQD-----	
TPP_ENCCU/506-707	(48) CDKFFP-----KEIEVTAENGACHRIDGKWK-----	
TPP1_SCHPO/568-794	(50) LRNWM-----DIKGLGSAENGSEVFKPHSTT-----	
SL1_YEAST/819-1055	(49) LENLYS-----RYQNGIENGAYVSLNG-----	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(48) ISKWFD-----SCPNGGSAENGAYETWNSNSP-----	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(50) LDEVFG-----EPDNLGENGMEERHTQGEW-----	
Q49734_MYCLE/179-411	(48) -----VIKRIGVPGWYSGGCFESTAPDG---THHQN-----	
Q00786_EMENI/1-227	(50) LDEWMG-----HYPEGLGENGCFIEMPRSDN-----	
P93653_ARATH/603-843	(49) LDKNFG-----EYDMWLAENGMEELLTNGEW-----	
OTSB_RHISN/33-251	(50) -----ADQLFSPANFETGLGAERADPDGR-----	
OTSB_ECOLI/18-234	(50) LD-----ALAKPYRFPAGVGAERADING-----	
O87819_RHILE/31-248	(50) -----ADALFKPFAPTAGLGAETNAAG-----	
O80738_ARATH/595-830	(48) LSEWLA-----PCENGGAENGAYETWNSNSD-----	
O65664_ARATH/17-258	(48) LIMIVLTTFQVYNFVKITELYYGSHGMDIKGPEQGSKYEQDS-----	
O64897_ARATH/121-354	(48) -----VRSFQVNEIYYAGSGMDIEGPTNENSNGQSN-----	
O64896_ARATH/124-368	(48) -----VYEFVNESEIYYAGSGMDIMSPAGESLNHEHSRTVSVE	
O64608_ARATH/560-795	(48) LSNWLS-----PCENGGAENGAYETWNSNSD-----	
O50401_MYCTU/145-370	(48) -----VTQRVGPGWYAGGCFELTAPDG---THHQN-----	
O27788_METTH/24-253	(49) ALRMVG-----VPGAVYENGLEYIINGNYQR-----	
O23617_ARATH/598-833	(48) LTEWFS-----SCDDGCLGAENGAYETWNSNSD-----	
O14145_SCHPO/579-812	(50) MEWWMG-----DISEGGSSENGSAPPLAGS-----	
Consenso	(51) L V L LAEHG FIR	

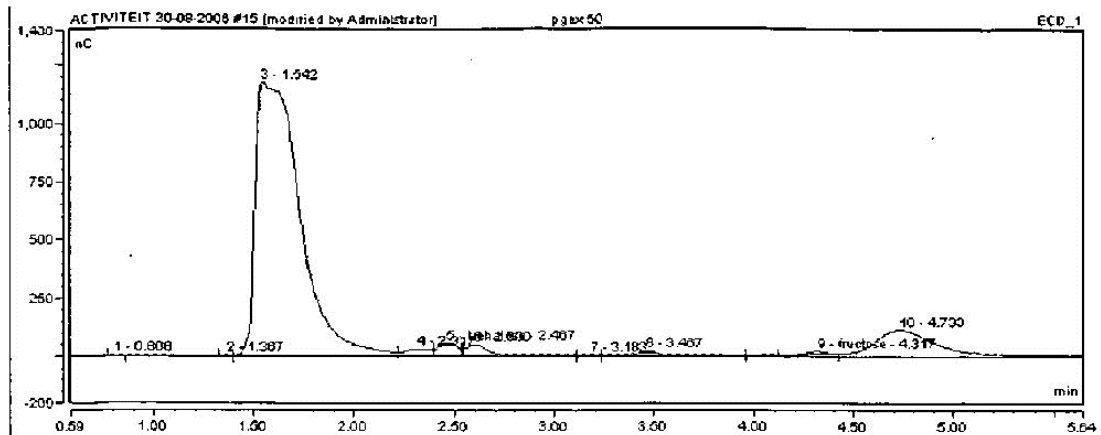
FIGURA 3

	101	150
Y2006_MYCTU/285-512	(78) -----AAATAAEDGLAEAAQADALREIACAVVEHRRFAYVHYRN	
TPSX_SCHPO/684-929	(87) EIAELWKNKVLGTDATYMKTSETFEYASPTTCAYVENNDATVILHRE	
TPS3_YEAST/753-979	(73) -----SWYNIVEEDYMKETAKIFDEKVERLEGYYKIADSMERTTEN	
TPS2_YEAST/575-822	(79) -----WVNLTEKVDNSQVRVNEVNEETTRDGGFIERKKVATINIR	
TPP_ENCCU/506-707	(74) -----EGGTFPQ-KDLWRIGQFELARTGSELERAKTGYAHAFIN	
TPP1_SCHPO/568-794	(78) -----WINLAELLDMSWKKEVRRIFQYTEROQSSIEERCAHWHYRK	
SL1_YEAST/819-1055	(74) -----VWYNIVDOVDNRNDVAKILEDKVERLGYYKINESMELFTEN	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(76) -----WETSELPADSSKKIAKPMNHMEATDGFIEEESANVWHOE	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(77) -----MTTMPEHLNMDWLESVQLAFDYFCRTDREFVETSETLVNHYK	
Q49734_MYCLE/179-411	(78) -----DAAEATPILEQAATQIRDQLGPIGVMTCHREFGVHYRN	
Q00786_EMENI/1-227	(78) -----WQNLAEITTDGQKEMEIYQHTEROGSFIERKKVATINIR	
P93653_ARATH/603-843	(76) -----MTTMPEHLNMEVDSKHMVKYETERTREHETEDTSLIHYKY	
OTSB_RHISN/33-251	(76) -----VHKAAEADFERIKAEIVAAATASWAGVLIEDGAAVAHYRL	
OTSB_ECOLI/18-234	(75) -----KTHIVHLPDAIARDISVQHTVIAQYGAELSAKGMALHARQ	
O87819_RHILE/31-248	(75) -----MOTVEATAEFQALKHALTEEAHHYGVLLIEDGAAVAHYRL	
O80738_ARATH/595-830	(76) -----WETSGLSDDLEKKVVEPIHRLYTETDQSNIEAKESALVHHOD	
O65664_ARATH/17-258	(91) ---KSLLCQPAETEFLPMIDEVYHKEVEKTSSTCAOVENNKFCVSVHER	
O64897_ARATH/121-354	(81) ---ERVLFQPAREFLPMIEKVNILEEKTWIFGAMVENNKFCVSVHER	
O64896_ARATH/124-368	(88) QGKDVNLFPASEFLPMIDKVLCSLIESTNDIKGVKVEDNKFVSVHIN	
O64608_ARATH/560-795	(76) -----WETCYSPTDTEVRSMVEPVHRSVMAADDTSTEFKESALVHHOD	
O50401_MYCTU/145-370	(78) -----DAAAAAPVLKQAAAEERQQLGPFQVGVVHRRFAYVHYRN	
O27788_METTH/24-253	(77) -----FSEVEEYIPLIKKCALELRDKIDEN-VIEFDKIGICYSIHARQ	
O23617_ARATH/598-833	(76) -----WETSSLVSGTEFKQIAEPVIRLYTETDGTITTKETAVVHARQ	
O14145_SCHPO/579-812	(78) -----WSSCAENLDESCKDTTRDFQYVSRIFGYYIEKKHSIENCKCN	
Consenso	(101) L W V IL Y E TPGS IE K ALAWHYR	
	151	200
Y2006_MYCTU/285-512	(120) VADQSVNLIAAVRRLGHAA-----GLRRTTCRKVLLHEDIWDCKAL	
TPSX_SCHPO/684-929	(137) EEDDEAAMWAKECCESVNNFN--VPCSATIQNDMVCSSNK--SRLE	
TPS3_YEAST/753-979	(117) ADDDRVPTVIGEATHINTLFDDRDIHAYVHADIIFYQTG--LALAAE	
TPS2_YEAST/575-822	(124) TVPELGEFHAKETKEKLSFT-DDFDLEWMDKANIEVRRF--VKKGEIV	
TPP_ENCCU/506-707	(114) VSPLIGVKQRAFLFELMRVC---KDYKKKQHHVIEVRSSK---KSCAM	
TPP1_SCHPO/568-794	(123) ADPENGAFQALECEALIELVCSKYDVEIMRCKANLEVRSS--INKGIN	
SL1_YEAST/819-1055	(118) EEDDRVASVIGDAITHINTVFDHRGTHAYVYNNVSVQVVG--LSLSAQ	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(121) ADHSFGSWQKEILDHIESVL-TNEPVVKKRQHIHTEKPOG--MSCKKV	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(122) ADVDFGRVQARDMLQHWGTGPISNAANDVVOGKKSUEVRVG--MSGSAT	
Q49734_MYCLE/179-411	(120) VARRVNEVAVARTAGORN-----ALRVTTCREVTIELDIDWDCKTL	
Q00786_EMENI/1-227	(123) ADPEYGAFOARECRKQLEEHVSKTWDVEIMACKANLEVRERF--VKKGFIA	
P93653_ARATH/603-843	(121) ADIEFGRLQARDILQHWGTGPISNASNDVOGGRSVEVRVG--WTACAT	
OTSB_RHISN/33-251	(118) APDQLELEQLMEWALYRAGP----DWALQHCMMVLLIRAR--ANKQDAV	
OTSB_ECOLI/18-234	(119) APQVEDALMTLAQRITQIWP-----QHALQQCKVVEIKERG--TSKGEAT	
O87819_RHILE/31-248	(117) APEYKVLADRMHHYAELAGP---NWALQLEKMMFELIRAR--SSKQDAV	
O80738_ARATH/595-830	(121) ADPEFGSCQAKELLDHLETVL-VNEPVVNRGQIHEKPOG--VSKELVT	
O65664_ARATH/17-258	(138) VDENNWSDLANQVRSVMKDYP---KLRITQSEKVLIEVRIIKWDCKAL	
O64897_ARATH/121-354	(128) VDEKRWPALAEVVKSVLIDYP---KLRITQSEKVLIEVRIIKWDCKAL	
O64896_ARATH/124-368	(138) VEEKNWTLVQCVDDVIRTYP---KLRITQSEKVLIEVRIIKWDCKAL	
O64608_ARATH/560-795	(121) ADPEFGSCQAKELLDHIESVL-ANEPVVKKRQHIHTEKPOG--VSKGLAN	
O50401_MYCTU/145-370	(120) VARRVGEVAAAVRTAEQRH-----ALRVTTCREVTIELDIDWDCKTL	
O27788_METTH/24-253	(119) CTDPELSRKRIKLNLOEIPES---KGLKDHGRMLVLLKPLHYNGGFIN	
O23617_ARATH/598-833	(121) ADPEFGSCQAKELMEHIESVL-TNDPVS--KTQOLYE--KPOG--VSKGLVA	
O14145_SCHPO/579-812	(123) ENTTYSKFQSELCQTNEDML-KHYDVEISPAKSTFLENHNY--INKESIV	
Consenso	(151) AD D A L L V V GK VVEVRP V KG AV	

FIGURA 3 (continuación)

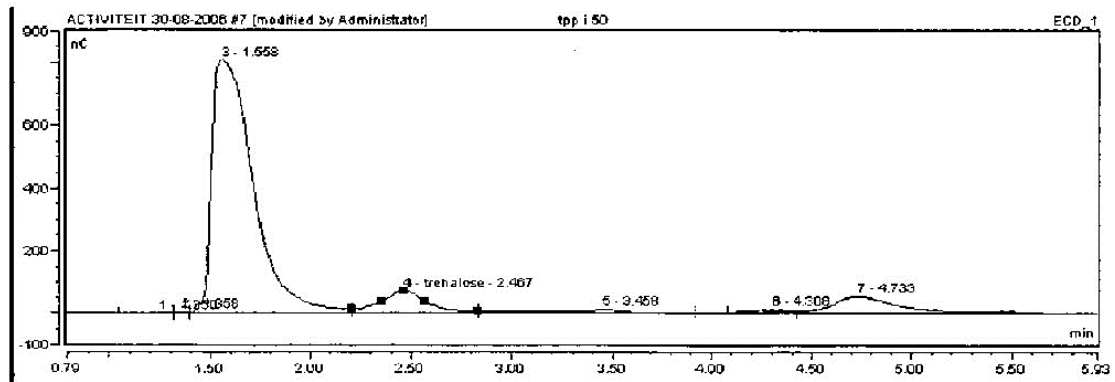
	201	250
Y2006_MYCTU/285-512	(165) DWAGERGPA-----EVGPDRLRLPYNGDEL-TDED-DAYRF	
TPSX_SCHPO/684-929	(184) EDIYSANGG-----DYDEFAASNP-DDETH-SWYKN	
TPS3_YEAST/753-979	(166) FLNKFYNSGVSPDINS-----RISLSRTSSMSVGNKK-----	
TPS2_YEAST/575-822	(172) KREXWHQHKGKPDMLKGISEKLPKDEMPDFVLCDDDF-TDEDMTROANT	
TPP_ENCCU/506-707	(157) EKIEEG-----EVLSPEDV-ADDEM-DVCKG	
TPP1_SCHPO/568-794	(172) KQIASSYPED-----SLPSEF-SPEDNR-DEDMERSYHK	
SL1_YEAST/819-1055	(167) FLRFYNSASDPLDTSS-----GQITNIQTPSQONPSB-HOQPPASP	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(169) EHTTATERNTK-----GKRPDYLLTICDR-DEDMDSYVK	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(171) DRYIGEIVHS-----KHMTIPIDVLLTICFLSKDEDTYTFEP	
Q49734_MYCLE/179-411	(165) HWYTDRIHHAGT-----QVGSASLMPICICDI-TDEDADAYRH	
Q00786_EMENI/1-227	(172) TRDQAYEDG-----KVPEFTLSCDDF-TDEGMFPFLA	
P93653_ARATH/603-843	(170) DRYIGEIVHS-----KSMTTIPIDVLLTICAFLGKDEDMYTFEP	
OTSB_RHISN/33-251	(163) AAFGQPPFAG-----RRATAGDDV-TDEDMERTN-	
OTSB_ECOLI/18-234	(163) AAFHQEAPFIG-----RTPFFCDEL-TDESGEAVIN-	
O87819_RHILE/31-248	(162) EREFQSDPFKN-----RCPETDEL-TDESMATAN-	
O80738_ARATH/595-830	(169) GKYSRMLED-----GIAPDFVCLDDR-DEDMENEST	
O65664_ARATH/17-258	(184) EFLDESIGYAN-----CTDVPPIYICDR-TDEDAKVYTE	
O64897_ARATH/121-354	(174) NFKKSEGYEN-----SDDVVPPIYICDR-DEDAKVIRE	
O64896_ARATH/124-368	(184) TFLDESIGLNN-----CEDVLPPIYICDR-TDEDAKVERD	
O64608_ARATH/560-795	(169) EKVIREMVER-----GEPPE-VMTICDDR-DEDMTESILS	
O50401_MYCTU/145-370	(165) LWYLDHHPHS-----GSAPLVPIYICDI-TDEDAVDVG-	
O27788_METTH/24-253	(166) RKILEDSDVSS-----AVYCLDI-TDADARETRK	
O23617_ARATH/598-833	(169) ERLETTQEK-----GKLLDTLVCDDR-DEDMEVMS	
Q14145_SCHPO/579-812	(171) RRLKRSQS-----VDETFQCKK-TDEHEEVLP	
Consenso	(201) IL L FVLCIGDD TDEDMF I	
	251	287
Y2006_MYCTU/285-512	(202) T----GVG---IVVRHNEHGDRRSAAFRLECPY---	
TPSX_SCHPO/684-929	(216) FK---QSKKEVMP-TFSVCVSEHGNSTNADAESS---	
TPS3_YEAST/753-979	(200) -----HFQNOVDFCVSGSTPIIEPIFKLVKQ----	
TPS2_YEAST/575-822	(221) I----ETCWKEKYPDQKNQWNYGFYPVTVGS-----	
TPP_ENCCU/506-707	(183) -----YTIKVGQSTSAAYRKDPE-----	
TPP1_SCHPO/568-794	(206) N----TRINKETSAVTIG-----SDKKLSI-----	
SL1_YEAST/819-1055	(209) T----VSMNHIDFACVSGSSPVLEPIFKLVND----	
Q9ZV48_ARATH/587-822	(205) H----QDVSS-IGEEVFACVQKPSKAKYYLDDTP	
Q9ZR75_SELLP/615-851	(210) E----LPLLDSDSTS-----NGGKPLGGKLPIDRKS	
Q49734_MYCLE/179-411	(204) T----DVGGIPVVRHTEDGNRATAALFTLDSM----	
Q00786_EMENI/1-227	(206) T----PKLRHELLTYLR-----YVPCLEEI-----	
P93653_ARATH/603-843	(209) E----LPSDMPARSRPSSSSCAKSSSGDRRPPSKS	
OTSB_RHISN/33-251	(194) -----RLGGLSIRIGPPVPAEALGSLPSAE-----	
OTSB_ECOLI/18-234	(194) -----RLGGMSVKIGTG--ATQASWRIAGVP-----	
O87819_RHILE/31-248	(193) -----ARGGVSVRGGAIGAPSCATSRSSSA-----	
O80738_ARATH/595-830	(204) T----LSAQSSSMSTEIFACTVQRKPSKAKYFLDEVS	
O65664_ARATH/17-258	(219) -----FSYGVLATFSGMETIEIWSMRAI-----	
O64897_ARATH/121-354	(209) -----RGQGFGLYSKVPKDNISYSLODPS-----	
O64896_ARATH/124-368	(219) G----PNHGYGILVSAVPKDNISYSLRDPS-----	
O64608_ARATH/560-795	(204) T----VTNPELLVQPEVFACTVQRKPSKAKYFLDDEA	
O50401_MYCTU/145-370	(199) -----PHG-VPIVRHTDDGDRATAALFALDSPA----	
O27788_METTH/24-253	(196) LESERGMKNVPIVLSKEIPPEVKNSARFFVYGIS--	
O23617_ARATH/598-833	(204) A----KDGPALSPVAEIFACTVQKPSKAKYYLDDTA	
Q14145_SCHPO/579-812	(202) T----AFSNSHIDEIDSTEYSQSHHTDDNSDANKVE	
Consenso	(251) ILV T A L	

FIGURA 3 (continuación)



Actividad de TPP medida por HPLC. Gráfico correspondiente a la muestra de control pGEX

FIGURA 4A



Actividad de TPP medida por HPLC. Gráfico correspondiente a la muestra TPPI

FIGURA 4B

Cuantificación de la actividad de TPP detectada por HPLC en muestra de control, pGEX y muestra TPPI

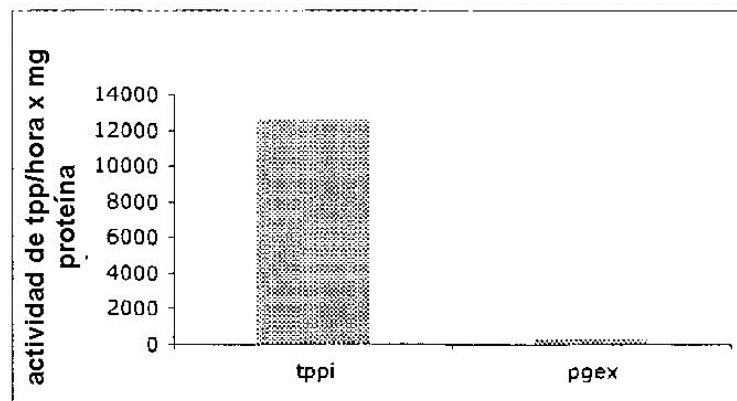


FIGURA 5

Complementación del defecto de crecimiento en la cepa de levadura YSH448 (*tps2Δ*) mediante polipéptidos TPP de clase III representativos de *Arabidopsis thaliana*

tps2?

Crecimiento a 30 °C
glucosa

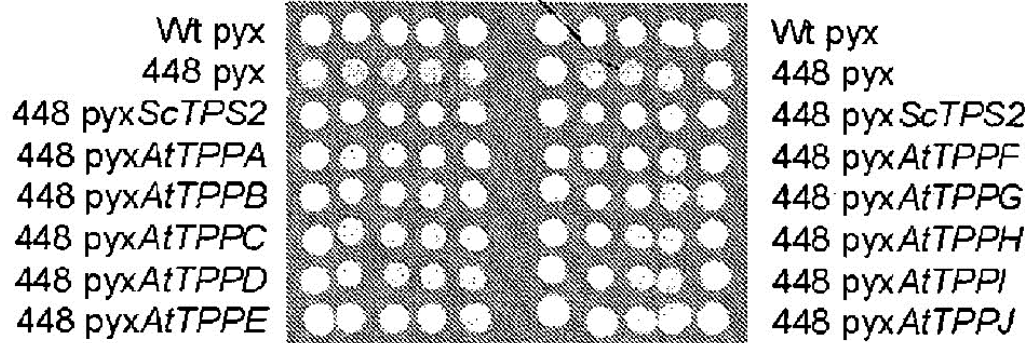


FIGURA 6A

Crecimiento a 37 °C
glucosa

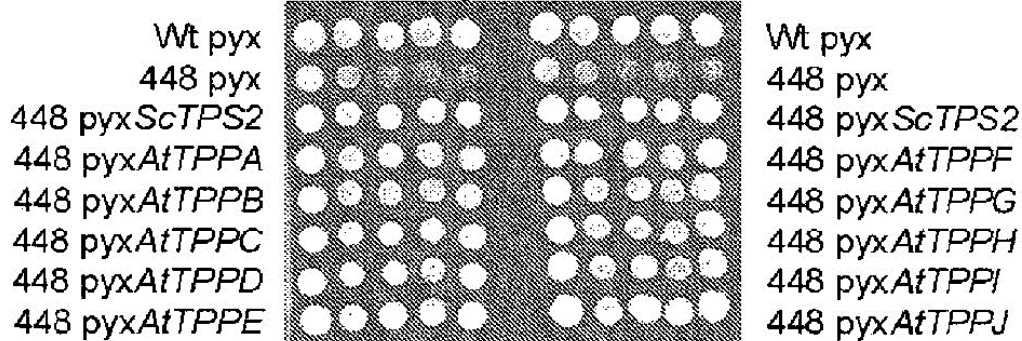


FIGURA 6B

Crecimiento a 39 °C
glucosa

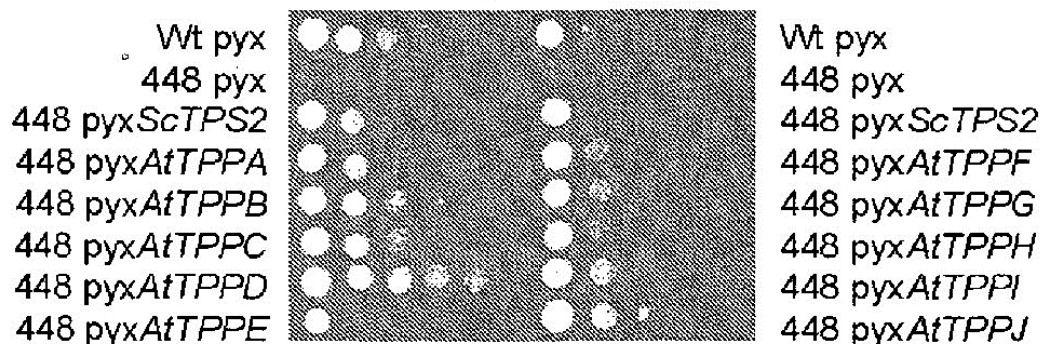


FIGURA 6C

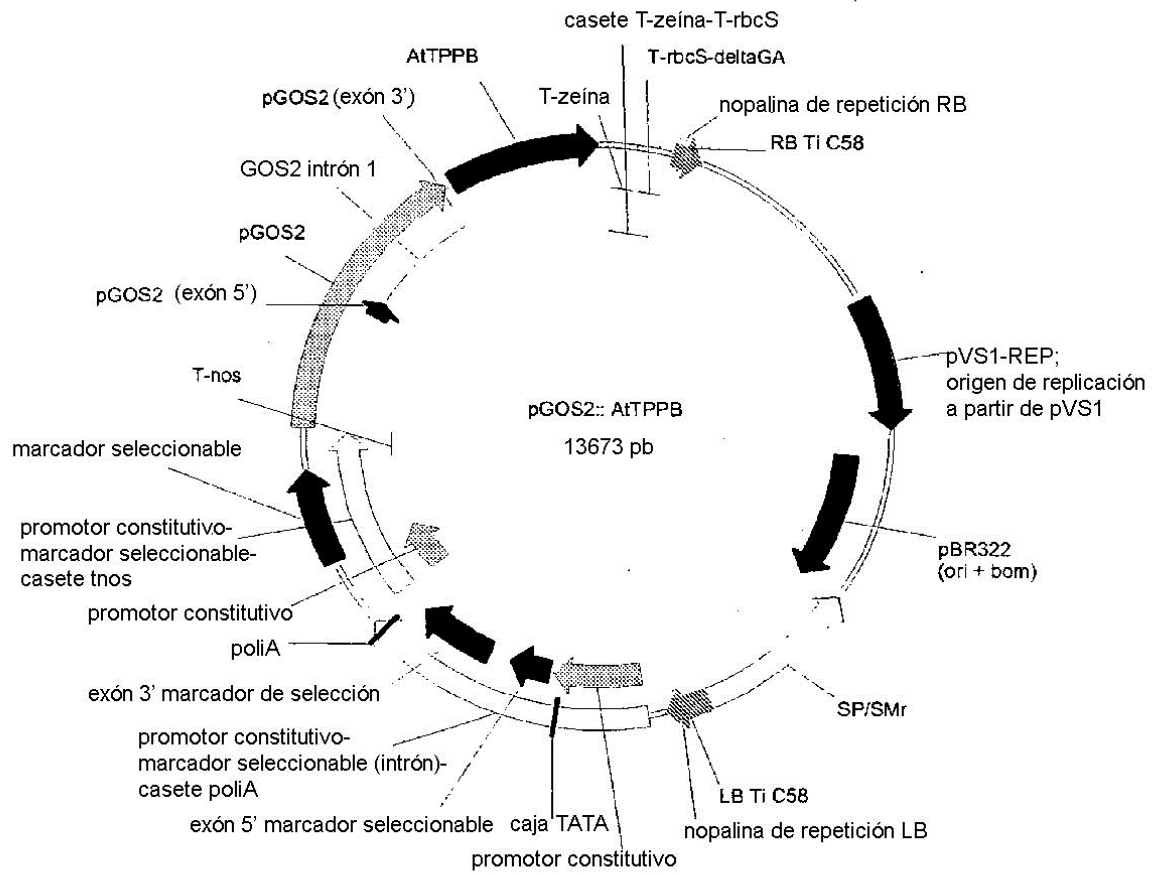


FIGURA 7

SEC ID N°: 01, ADN – *Arabidopsis thaliana*

ATGACTAACCAGAATGTCATCGTTTCCGACAGGAAACCCATCTTGGGTTTGAAAACCATCACTGTC
TCTGTCTCTAACTCTCCTCTGTTCTCTAATTCCCTTCCCACTTACTTTAACTTCCCTCGTCGAAAG
CTCTTGAACTTCTTGAAGCAGCCGACAAAAACAACCTTAGTTGTTGCTCCAAAGATTACGTCTATG
ATCGATTCCATGCGTGATTCTTCCCCTACACGTCTCAGATCCTCTTCCTATGACTCTGTTTCAGAT
AACGACGACAAAACATCTTGGATCGTTCGTTTTCCTTCGGCTTTAAATATGTTTGATGAGATTGTG
AATGCTGCGAAAGGGAAACAGATTGTCGTGTTTCTTGATTACGACGGAACCTTTCTCCCATAGTT
GAAGATCCCGACAAAGCTTTCATAACCCATGAGATGAGAGAAGTCGTAAAAGACGTGGCTTCGAAT
TTCCCGACTGCTATTGTACCCGGGAGATCCATTGAGAAGGTTCTAGTTTTGTCCAAGTAAACGAG
ATTTACTACGCCGGAAGCCACGGCATGGACATTGAAGGTCCGACCAACGAAAATAGTAACGGCCAG
AGTAATGAAAGAGTGCTATTCCAACCTGCTCGTGAATTTTACCAGATGATCGAGAAGGTGGTTAAT
ATTTTAGAGGAAAAACAATAATGGATCCCTGGGGCTATGGTGGAGAACAACAAGTTTGTCTGTCC
GTACATTTTCGACGTGTTGATGAGAAGAGATGGCCTGCATTAGCTGAAGTAGTAAAATCAGTTCTT
ATTGATTATCCAAAGCTGAACTAACCCAAGGTAGAAAGGTACTTGAAATCCGCCCCACAATCAA
TGGGACAAGGGCCAGGCACTCAATTTTTTACTAAAATCATTAGGATATGAAAATTCGGATGATGTC
GTGCCGGTGTATATCGGGGATGACCGTACTGACGAAGATGCGTTTAAGGTTTTACGTGAAAGGGGA
CAAGGTTTTGGGATTTTTGTCTCAAAGTACCAAAGGACACCAATGCCTCTTATTCTCTTCAAGAC
CCTTCTCAGGTAAACAAGTTTCTGGAACGTTTAGTAGAATGGAAGAGGAAGACAGTGGGAGAAGAG
TGA

SEC ID N°: 02, proteína – *Arabidopsis thaliana*

MTNQNVIVSDRKPILGLKTIITVSVSNSPLFSNSFPTYFNFPRRKLLKLEAADKNNLVVAPKITSM
IDSMRDSSPTRLRSSSYDSVSDNDDKTSWIVRFPSALNMFDEIVNAAGKQIVFLDYDGLSPIV
EDPDKAFITHEMREVKDVASNFTAIIVTGRSIEKVRSEVQVNEIYYAGSHGMDIEGPTNENSNGQ
SNERVLFQAPREFLPMIEKVVNILEEKTWIPGAMVENNKFCLSVHFRRVDEKRWPALAEVVKSVL
IDYPKLKLQTGRKVLIRPTIKWDKGQALNFKLLKSLGYENSDDVVPVYIGDDRTDEDAFKVLRER
QGFGIFVSKVPKDTNASYSLQDPSQVNKFLERLVEWKRKTVGEE

SEC ID N°: 3, AND – *Triticum aestivum*

CCCAATCCAAGGCTCTGTCTACTAAGTGACACCTTCTGAACAACGGAGTTTTCTCGAAAAGGAGG
TTGAAGCCCCGGGCTCTGCATCATTCTGAACATTGGAGTTAAGCGGAGCTGGCTTTGCATGGCTTT
TCCTATGTGCCAATCCACTCTTCTGATATAGATGTGTCTCTCTCAGCATGACAAGTTCACAGG
TACTCTGCTTTTGATGAACTTCTCCACACCTGCAGTGACAAGAAAACGCTGAAGAAGTGGTTCTT
CATCGACAAGACAGTGGGCTAAGAGAATCCAGCTGAAAGAGAGACGACCGCGTTCTGACCACATT
TTTTCTCGTCCCACCCGATGGATTTGAGCAACGGCTCACCGGTCATCAGTGATCCGATGTCAATG
AGCCAGTCGTTGATGGGAGTGCTGCCTTCCAACATGATGCCGTTTTTCAGTCAGGCCCCGGGGTTAC
TCCGGCGCTGGTGGCGCCGGCGTAAACGTCAGCAGGCGCAAGATCGAGGAGGTCTCTGAGCGGG
CTGCTGGATGCCATGAAATCCTCGTCGCCACGTAAGAAGCACAAACGTGGTCTTCGGCCAGGAAAAC
CTGCCCCGAAGAAGATCCTGCCTACAGTGATGGATGGCAAAATGCCCCCTCTGCTCTGGCTTCCTTC
AAGCAGATCGTAGCCAGTGCACAAGGCAAGAAGATTGCGGTCTTCTGGACTACGATGGCACACTG
TCGCCGATCGTCGACGACCCTGAAAAAGCCGTCATGTCCCTGTGATGAGAGCTGCTGTGAGAAAC
GTCGCCAAATACTTCCCCGCCGCGCATCGTCAGCGGAAGGTCCCGGAAGAAGGTCTTGAATTTCGTA
AAACTGAAGGAACCTGCTATGCTGGAAGTCATGGGATGGACATAATGACATCTTCTTCAGCACAT
TATGAACACAATACTGAAAAGGGCAAAGAAGCCAACCTCTTCCAACCTGCTCGCGATTTTCTGCCT
ATGATCGATGAGGTTTCCAAGGCCCTCTTGAAGTCACGAGCGGAATCGAAGGCGCGAGCGTTGAG
GACAACAAGTTCTGCGTGTCTGTTTATTACCGCAACGTAGACGAGAAGGACTGGGAGCTGGTTCGCA
CGGCTCGTAAACGAGGTGCTGGAGGATTTCCCCCTCTCAAAGTGACCAACGGGCGAATGGTTTTA
GAGGTTCTGTCGGTGATCGACTGGGACAAGGGGAAGGCCGTCGAGTTCTGCTTCAGTCGCTCGGG

Figura 8

CTGAGCGACTCCGAGAACGTGATCCCAATCTACATCGGGCGACGACCGCACGGAAGACGCGTTC
 AAGGTGCTCCGGGAGAGGAAGTGC GGGTACGGGATACTGGTCTCGCAGGCGCCCAAGGAAACCGAA
 GCCTTCTACTCGCTCAGGGACCCGTCTGAAGTGTGGAGTTCCTGAAGTCTTGGTGAGATGGAAG
 AAGCACTCGCTATGAACAAACAGGAGATGACTGTAGTTTCCGAGGCGACAGTTTTGCAGCGTTGGA
 AACCATAGCTAGGGTCAATGATGTTGCCGTCCCCTGTTAATTCGTTTAGGTCGATTGATATTCTT
 GTACTGCTAGTCATGTTCTTTGCCACCGAGAAATTTGATCGGTGGCTGTGTTGGTTGTTATACATA
 ATGCTTTAGGTTAACATAAATTGGATCTGGATCTCTTGATTAGAACACCAATACATGTGCGGTAGC
 GTGTGAACTTACAAGTGATTGACGAAATCCCATACTCTTGATGCAGGCCCTAGTCGATGCAGCACA
 CGGGAATAGTTGGCGAAGCGGAACAGCACCGAGTGAATAGCCCATGGCCGAAAGCGTGAACGTAGC
 CAGCAATAGGTAGAAGACGCCCAGAAAGGCTACCGGCACTAGAGATGGCCGGCATCAACCAGCGACT
 GGTCGGTGTAGAGCAGCAGGAAGCCGCCGGCACATCCTTGCGGTGGCCGGCTGTGGTGATGGCCTT
 CTGATCCCTTTATGCACCCTTTTAGGATCGGTAGTTAGGAGTTTGT

SEC ID Nº: 04, proteína – *Triticum aestivum*

MDLSNGSPVISDPMSMSQSLMGVLPSNMMPFSVRPGGYSGAGGAGVNVSRKIEEVLVSGLLDAMK
 SSSPRKKHNVVFGQENLPEEDPAYSAWMAKCPALASFQKQIVASAQKKIAVFLDYDGLSPIVDD
 PEKAVMSPVMRAAVRNVAKYFPAAIVSGRSRKKVLEFVKLKLKELCYAGSHGMDIMTSSSAHYEHNT
 KGKEANLFQPARDFLPMIDEVSKALLEVTSGIEGASVEDNKFVSVHYRNVDEKDWELVARLVNEV
 LEDFPPLKVTNGRMVLEVRPVIDWDKGKAVEFLLQSLGLSDSENVIPYIIGDDRTDEDAFKVLRR
 NCGYGILVSQAPKETEAFYSLRDPSEVMEFLNSLVRWKKHSL

SEC ID Nº: 05, ADN – *Glycine max*

ACTATTTTTTTTCAGGAGAATATTATTGCGCTTTTCGTGTTTCTCCCCGAAAGCACCAATAACGCAT
 TGCCCTCCCTATGGTCGCTGTGTTAAAGTTGGCTGCCATAATATTACCCCATTTTTAGCTTCTG
 CCAAACAACAACCTGTGCCTTTTTTTTTGTCTCCTTTCTTATTTGTTTCTTTTTAGCCTTTTTGTT
 TTTTTATTGGCCGCCAAACTAAAAACAATATCAGTATTTGCGTCTTTTAATCTGGTATTCCTCTCT
 TCTGACTGGTGGCTTCGTTTTCGCCTTTGAAGATATTTAGACGAAAACGAGAATCCGCATTCTGAT
 TCTGAAGATTCTGTCTAATCTCATTTCTTCTTCCCTTGGGTGAGCTCGTTTTTTAGGAGCTCG
 GCAGTTGATGGACTGTTACCCCAAGAGCAGTGACAAGAAAACATTAAAGAGGTGGTTTTTTATTGA
 TAAAAGAGTTGGGTGAAGTGGAAATCCGATAAGTATTATTCAATTGGTGCTCAATACTCCTTAAA
 GTTCTTACATTGTTGCTGGACTGTAAATTGATTTAAAATCTGGATCCCATGGACTTGAAGTCGAAT
 CATACTCCTGTTCTCACTGATGCTGCACCTGTAACAAAGTCTAGACTGGGTGTGCATTCCAGTTTG
 TTGCCTTACTCCCATGCTGGGACAACCTTTACACATGGAATGTTATTGACTATCCCGAGGAAGAAG
 ACAGGAATTCTTGAAGATGTTTCGTTCTAGTGGTTGGTTGGATGCCATGAAATCATCTTCACCTCCA
 GCCAGGAAGATAACAAAGGATGTTGGCCATGGGTTTGCATCATCTGATTCTGAAACTGCTGGTGCT
 TATTTTAGCTGGCTGCTAAAATACCCATCCGCACCTGTCATCTTTTGATCAAATCATGAACATGCA
 AAAGGGAAAAGAATTGCGCTGTTTATGGATTATGATGGAACCTTTTACCAATTGTGGATAATCCT
 GACTGTGCTTTTCATGTCCGACAATATGCGTGCTGCTGTTAAAAAGGTGGCAGAATATTTTCCAACA
 GCAATAATTAGTGAAGAAGCCGTGATAAGGTATATCAATTGTAGGACTAACAGAACTCTATTAT
 GCTGGTAGTCATGGAATGGACATCATTGGGCCTGTTAGACAATCTGTATCTGATAATCACCCAAAT
 TGCATTAGGTCTACAGACAAGCAGGGTAAGGAAGTAAATTTATTTCAACCTGCTGCTGAATTTCTG
 CCCATGATTAATGAGGTACTTAATTCTCTTGAAGAGTGTACGAAAGACATTAAAGGAGCTAAAGTT
 GAGAACAATAAATTTTGTGTATCTGTGCACTACCGGAATGTAGATGAAAAGTATTGGAATTGGGTG
 GGGCAACATGTTTCATGATGTTCTGAAGGGCTATCCACGTTTTCGCTTAACTCATGGGCGGAAGGTT
 TTAGAGATCCGACCTGTGATTAACCTGGGATAAGGGCAAAGCTGTCACGTTTCTACTTGAGTCACTT
 GGGCTAAACAATTGTGATGATGTGCTTCCATATATATTGGAGATGATCGGACAGACGAAGATGCA
 TTTAAGGTTTTGAGAGAGGGAAATAAAGGTTATGGGATCTTGGTGTCTTCAGCACCAAAGAAAGC

Figura 8 (continuación)

AACGCAATTTACTCTCTTCGTGATCCATCAGAGGTCATGGAATTTCTCAAGTCACTTGTGTTGTGG
AAATCAAGCACCTTAAAAAGCCTTATATAGTGTATAGAGGAGAGAATATACTCTGCTATACTATAC
TATATCATAAAAAAAAAAACAGCTTTTTTCGATTTTGGTTTTTCTCAGAAACATTCCAAGAGGTT
TACTGGAGCAGATTTACGCACAGAAGAACCTCTTTTGGTAACAACAGCGTTGTGCTACCCAGTTT
TTTTGCTCGAAGCTCTTGTGGTAGCTGTAAATTCGTCAACTCATAATTATAAATATCTTAAAGAAG
TAAAAAAAAAAAAAAAAAAGCG

SEC ID N°: 06, proteína – Glycine max

MDLKSNGTHPVLTDAPVTKSRLGVHSSLLPYSHAGTTFTHGMLLTIPRKKTGILEDVRS SGWLDAM
KSSSPARKITKDVGHGFASSDSETAGAYFSWLLKYPSALASFDQIMNYAKGKRIALFMDYDGTLS
PIVDNPDCAFMSDNMRAAVKKVAEYFPTAIISGRSRDKVYQFVGLTELYYAGSHGMDIIGPVRQSV
SDNHPNCIRSTDKQGKEVNLFQPAAEFLPMINEVLNSLEECKTDIKGAKVENNKFCVSVHYRNVDE
KYWNWVGQHVHDVLKGYPRRLTHGRKVLIRPVINWDKGKAVTFLLSLGLNNCDDVLPYIGDD
RTDEDAFKVLREGNKGYGILVSSAPKESNAIYSLRDPSEVMEFLKSLVLWKSSTLKSLL

SEC ID N°: 07, ADN – Tagetes spp.

CGACCATTGGCAAACCGAGATTAGGAATTCATGATTCATTACTACCATACGCATCTTCTGGAGTCT
TCTCTCAAGCTCCATTTCTTAAAAACCTGGACTACTTGATGATGTTTCGTTCTACTAGCTGGTTGG
ATGCCATGAAATCTTCTTCTCCAAGGAATGTTCTAAAAATAACGCCACTGATTTGTCAAATGATG
TTGCTTACCGCAATTGGATGATTAAGTATCCGTCTGCACTTGCATCCATTGAACAGATTGCAAATA
ATGCAAAGGGGAAAGAGGATTGCCTTGTCTTAGATTATGACGGAACATTATCCCCGATCGTGGACA
ATCCAGATCATGCCTTCATGTCTAATGCTATGCGTGCTGCAGTAAGAAATGTGGCAAATACATTC
CAACAGCAATTATAGTGGCAGAAGCTGTGAAAAGGTACACAAGTTTGTAGGACTGAAAGAACTAT
ATTATGCTGGTAGTCATGGGATGGACATAATGGGTCTGTTTCAGCCTCCAAGTATCATAGAATTG
AGGCTATAGAAGGAAATTTGTACCAGCCTGCTAGTGAATTTCTACCCATGATCAACGAGGTTTTTG
TGTCCCTTGTGTGAGATAACCAAGGACATAGAAGGAGCAAAAGTCGAAGACAACAAGTTTTGTGTCT
CAGTGCATATCGTAATGTAGATGAGAAGAACTGGACAATGGTAGCACAATGTGTGCAAGACACTT
TGAAAAACTATCCACGTCTGAGATTGACTCACGGGCGGATGGTTTTAGAGATCCGCCCTGTGCTTA
AGTGGGACAAGGGGAAGGCTGTTGAGTTCTTACTCGAATCATTGGCTTAAGTAATTGTGATGATG
TGCTCCCTATATATGTAGGGGATGACAGAACAGACGAAGATGCATTCAAGTTTTTAAGAGAGGGTA
GTCTTGGTTATGGCATCTTGGTGAATCCTGCCCAAAGGAAAGCAGTGCATATTATCTCTCAGGG
ATCCATCCGAGGTGATGGAATTTATCAACTTACTAGTGATGCATAAGAAGTCGGTTCCATGATTCG
ACTGATTCGTACAATAGGAAGACGTTCTGAAATTTTCATTTAAAGAATAAAACAAGGCATCTGAA
GTAGAAATGAGCACTTCTTCAACCTCCCTACCTGGCAATTGTAAATCGCACGATATTACTTTCTTC
ATGTTTGACATACGGGAAAGATATATGTGTATATACAATTTCTTATTATTGAATCCCATGTACGTA
CATATCCGGTCGGTTTTGTTAATACAAAGATCCGGTATTGTTAGTATAAAGTTAGACGAAAATCAA
GTTGATTGATGTAAATTTTCTTTGTATGAATGTTCCGTACTTTACTTTTAATGTTTCTATGAAAT
TTTGATATTGTGTTTT

SEC ID N°: 08, proteína – Tagetes spp.

MKSSSPRNVLKNNATDLSNDVAYRNWMIKYPSALASIEQIANNAGKRIALFLDYDGTLSPIVDNP
DHAFMSNAMRAAVRNVAKYIPTAIISGRSCEKVHKFVGLKELYAGSHGMDIMGPVQPPTDHRIEA
IEGNLYQPASEFLPMINEVFVSLVEITKDIEGAKVEDNKFCVSVHYRNVDEKNWTMVAQCVEDTLK
NYPRLRLTHGRMVLEIRPVLKWDKGKAVEFLLESGLSNCCDDVLPYVGGDDRTDEDAFKFLREGSL
GYGILVTPAPKESAYYSLRDPSEVMEFINLLVMHKKSVP

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 09, ADN – Arabidopsis thaliana

ATGAAGATTACGGATATTTCCGGAAAGATCGAGACTTTGGTTGATTCCCTTAAGGGATATGTCCCCG
 ACCCGTGTGAGATCTTCCTTCTCTGATGAACATGTATCCGAGAACGATGACGAGAGAAGCTCCTGG
 ATTGCTCTTCATCCGTCAGCATTGGATATGTTTGAACAAATCATGCGTGATGCTGAAGGCAAACAA
 ATTATTATGTTTCTTGATTACGACGGAAGTCTCTCGCTAATCACTGAAGATCACGACAGAGCCTAC
 ATAACCGACGAGATGCGAGAAGTTGTAAAGGAAGTGGCTACATATTTCAAGACAGCGATCATCAGC
 GGACGAAGCACTGACAAAGTACAGAGTTTTGTGAAACTCACTGGTATTCACTACGCTGGGAGCCAC
 GGCATGGACATTAAGGGTCCGACAAATACCGATCAGAGTAACCAAGAAGAAGTGATGTTTCAACCT
 GCAAGTGACTATTTACCGATGATTGACGAGGTGGTTAATGTTTTGAAGGAAAAGACAAAATCTATC
 CCTGGAGCTACGGTCGAGCACAAAGTTTTGTCTAACAGTACATTTTCGTCGGGTGATGAAACG
 GGATGGGCTGCATTAGCTGAGCAAGTGAGATTGGTTCTCATTGATTATCCGAAATTGAGACTGACA
 CAAGGCAGAAAGGTCTTAGAACTCCGACCTTCCATCAAATGGGACAAGGGAAAGGCTCTCGAATTT
 TTGCTAAACTCATTAGGGATAGCAGAATCTAAAGATGTTTTACCGGTTTACATTGGAGATGACCGT
 ACTGATGAAGATGCATTTAAGGTTTTATGTGAAAGGGGACAAGGTTTTGGGATTATCGTCTCAAAA
 ACTATTAAGGAAACGTACGCCTCTTACTCTCTCAAGACCCATCTCAGGTAAAGAATTTCTGGAG
 CGTTTTGGTAAAGTGGAAGAAACAAACACTTGGAGAATAAGAAGAAGAACTGGTTCATAAGAGATAT
 TGAGTTTCGTGTTCTTAATTCTTATAACCCGTCCTGAAATATATGGGACTCTTAGCAAAAATAAAAA
 TGGAGACCTTAATTTTTTAGATTTTTAAATTTATTGTTTTCAATGAATAATACTGAAAAGATTAATTTT
 TCGTTAAATGGTCTTGTAAGATATTCTAATGATTTTTTTTTTATATGAATTAAGAAGCATGTTTTCG
 TTGAATTTATAGGTTAACA

SEC ID Nº: 10, proteína – Arabidopsis thaliana

MKITDISGKIETLVDSLRLDMSPTRVRSSFSDEHVSENDERSSWIALHPSALDMFEQIMRDAEGKQ
 IIMFLDYDGTLSLITEDHGRAYITDEMREVVKEVATYFKTAIISGRSTDKVQSFVKLTGIHYAGSH
 GMDIKGPTNTDQSNQEEVMFQPASDYLPMIDEVNVNVLKEKTKSI PGATVEHNKFCLTVHFRRVDET
 GWAALAEQVRLVLIDY PKLRLTQGRKVLELRPSIKWDKGKALEFLNLSLGIAESKDVLPVYIGDDR
 TDEDAFKVLCERGQGFGIIVSKTIKETYSYSLQDPSQVKEFLERLVKWKQTLGE

SEC ID Nº: 11, ADN – Arabidopsis thaliana

ATGTATTAAAGACTTGACAACCTGTCTTTCTCACACCAAACCCCTCTCCTCTGTTTCATAACATCTG
 CTCTTTCTTTTTTTTTCCTAAGCCCCCTAATGACAAACCATAATGCCTTAATCTCTGATGCTAAAGGC
 AGCATCGGAGTTGCGGTTAGAGTTCCAAACCAATCTCTGTTTTCTCCCGAGGTGGCCGATACATC
 AGCATTCGCCGGAAGAACTCGTGCAGAAGCTAGAGGCCGACCCGAGTCAAACCCGTATCCACACT
 TGGATCGAAGCCATGAGGGCTTCTTCCCCAACCCGTACCCGACCGGGGAACATATCTCCCCCTCCCG
 GAGTCCGATGAGGAGGATGAATACTCTTCTTGGATGGCTCAACACCCGTCAGCTTTAACCATGTTT
 GAAGAGATAGCTGAAGCTTCAAAAGGGAAACAAATCGTGATGTTTCTCGACTATGACGGTACATTA
 TCCCCCATTTGTTGAAAACCCCTGATCGAGCTTACATGTCTGAAGAGATGAGAGAGGCAGTGAAAGGC
 GTGGCTAGATATTTCCCGACCGCGATTGTCACTGGAAGATGCCGTGATAAGGTTCTGATGATTTGTG
 AAACCTTCGCCGACTTTACTATGCAGGTAGCCATGGAATGGACATCAAAGGACCTTCCAAAAGAAAC
 AAACATAACAAGAACAATAAAGGAGTTCTTTTCCAAGCGGCGAATGAGTTTTTGCCTATGATTGAC
 AAGGTCTCTAAGTGTCTAGTAGAGAAAATGAGAGACATAGAAGGAGCAAACGTCGAGAACAACAAG
 TTTTGTGTCTCCGTACATTACCGTTGTGTTGATCAAAAGGACTGGGGATTGGTAGCGGAACACGTG
 ACATCGATATTGAGTGAGTATCCGAAACTGAGGTTGACACAAGGAAGAAAAGTCTTAGAGATTCGA
 CCAACCATCAAATGGGATAAAGGCAAAGCTCTCGAGTTCTTGCTCGAATCCTTAGGATTCGCTAAC
 TCTAACGATGTTTTGCCCATCTATATAGGAGATGATCGTACGGACGAGGATGCTTTCAAGGTTTTG
 AGAAACAAAGGACAAGGCTTTGGTATACTTGTGTCCAAAATTCCAAAGGAAACGAGTGCTACATAT
 TCTCTACAAGAACCTTCCGAGGTAGGAGAGTTTTTGCAGCGACTCGTGGAATGGAAACAAATGTCA
 CTAAGAGGAAGATAGCCAATTTCTGACATAAATTTATTTTCAATTAATAAATGAATTAGTTTTCA

Figura 8 (continuación)

CTATGCAACAAAAATTGTTGTATATATGATCAATGTTTTTTTAATTATTTTACTCTTCATGAACAA
ATGTAAGTTTATAGGAACCTTCTTAACCAAGAAAAAAGTAAGTTTGCTAGTATAATATTTTCATCA
TTCTCTTTTT

SEC ID N°: 12, proteína – Arabidopsis thaliana

MTNHNALISDAKGSIGVAVRVPNQSLFSPGGGRYISIPRKKLVQKLEADPSQTRIHTWIEAMRASS
PTRTRPGNISPLPESDEEDEYSSWMAQHPSALTMFEEIEAEASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVENPDR
AYMSEEMREAVKGVARYFPTAIVTGRCDKVRRFVKLPGLYYAGSHGMDIKGPSKRKNHNKNNKGV
LFQAANEFLLPMIDKVSCLVEKMRDIEGANVENNKFCVSVHYRCVDQKDWGLVAEHVTSILSEYPK
LRLTQGRKVLIRPTIKWDKGKALEFLLES LGFANSNDVLPYIIGDDRTDEDAFKVLRNKGQGFGL
LVSKI PKETSATYSLQEPSEVGEFLQRLVEWKQMSLRGR

SEC ID N°: 13, ADN – Arabidopsis thaliana

CTCCTCACCTTCTCTCTCAACATCTCTCTTTCTCTGTCTTCTCTCTGTCTCAACGAGAATAT
GACTAACCAGAATGTCATCGTTTTCCGACAGGAAACCCATCTTGGGTTTGAAAACCATCACTGTCTC
TGTCTCTAACTCTCTCTGTTCTCTAATTCCTTTCCCACTTACTTTAACTTCCCTCGTCGAAAGCT
CTTGAAACTTCTTGAAGCAGCCGACAAAAACAACCTTAGTTGTTGCTCCAAAGATTACGTCTATGAT
CGATTCCATGCGTGATTCTTCCCCTACACGTCTCAGATCCTCTTCCCTATGACTCTGTTTCAGATAA
CGACGACAAAACATCTTGGATCGTTCGTTTTCTTCCGCTTTAAATATGTTTGATGAGATTGTGAA
TGCTGCGAAAGGGAAACAGATTGTCATGTTTCTTGATTACGACGGAACCTTTTCTCCCATAGTTGA
AGATCCCGACAAAGCTTTCATAACCCATGAGATGAGAGAAGTCGTAAAAGACGTGGCTTCGAATTT
CCCGACTGCTATTGTACCCGGGAGATCCATTGAGAAGGTTTCGTAGTTTTGTCCAAGTAAACGAGAT
TTACTACGCCGGAAGCCACGGCATGGACATTGAAGGTCCGACCAACGAAAATAGTAACGGCCAGAG
TAATGAAAGAGTGCTATTCCAACCTGCTCGTGAATTTTTACCGATGATCGAGAAGGTGGTTAATAT
TTTAGAGGAAAAAACAAAATGGATCCCTGGGGCTATGGTGGAGAACAACAAGTTTTGTCTGTCCGT
ACATTTTTCGACGTGTTGATGAGAAGAGATGGCCTGCATTAGCTGAAGTAGTAAAATCAGTCTTAT
TGATTATCCAAAGCTGAAACTAACCCAAGGTAGAAAGGTACTTGAAATCCGCCCCACAATCAAATG
GGACAAGGGCCAGGCACCTCAATTTTTTACTAAAATCATTAGGATATGAAAATTCGGATGATGTTGT
GCCGGTGTATATCGGGGATGACCGTACTGACGAAGATGCCTTTAAGGTTTTACGTGAAAGGGGACA
AGGTTTTTGGGATTCTTGTCTCAAAAGTACCAAGGACACCAATGCCTCTTATTCTCTTCAAGACCC
TTCTCAGGTTAACAAGTTTCTGGAACGTTTAGTAGAATGGAAGAGGAAGACAGTGGGAGAAGAGTG
AAAGACATGCAACATAATTACACAAATAACACCTGAGTTTTGAGTAGATTATTAATTTATATAAAC
ACCCTTTTTTAAATTAGTAGATGCCTGGAGGGTGTTCGGCCAGAAGTTTTCTTTTAAATCTACATC
GAACCGAAAATTGTAAATTTCTGTGAACGATTTAGAAATGGAAAAATATATTAATAATTTACTCAT
TCTTATTTGACC

SEC ID N°: 14, proteína – Arabidopsis thaliana

MTNQNVIVSDRKPIGLKTI TVSVSNSPLFSNSFPTYFNFPRRKLKLLLEAADKNNLVVAPKITSM
IDSMRDSSPTRLRSSSYDSVSDNDDKTSWIVRFPSALNMFDEIVNAAKGKQIVMFLDYDGTLSPIV
EDPDKAFITHEMREVVKDVASNFPFTAIVTGRSIEKVRSFVQVNEIYYAGSHGMDIEGPTNENSNGQ
SNERVLFQPAREFLLPMIEKVVNILEEKTWIPGAMVENNKFCLSVHFRRVDEKRWPALAEVVKSVL
IDYPKLKLTQGRKVLIRPTIKWDKGQALNFLKSLGYENSDDVVPVYIGDDRTDEDAFKVLRERG
QGFGILVSKVPKDTNASYSLQDPSQVNKFLERLVEWKRTVGE

SEC ID N°: 15, ADN – Arabidopsis thaliana

ACATTCACCTCTCATTTCCATCAAAATTATAACTTCATTTTACATTTTGATTAAATATCCTAAAAATGG
TTAGATTCATCGAAGAAAAATATTACTAAAATGTTGGAGACAAAGGCCATCTCAAACTCGGAGGTTT
TATATGTCGGAGGAGACGACGGAGACACGTACCAACGACGAAAGTTCTTCATGATTTTCAGATCA
ACAGCGGAGGAGGACTGATAAGATCATGGGTTGATTCTATGAGAGCTTGTTCTCCTACTCGCCCTA

Figura 8 (continuación)

AATCCTTCAATAGCCAATCTTGTTGGATTAAGGAACATCCATCTGCTTTGAACATGTTTGAAGAAA
TACTTTCATAAATCTGAAGGAAAACAAATAGTTATGTTTCTTGATTATGATGGTACTCTCTCTCCCA
TTGTTGATGATCCTGATCGAGCTTTCATGTCCAAGAAGATGCGAAATACTGTGAGGAAACTTGCAA
AGTGTTTTTCCAACAGCCATAGTTAGTGGGAGATGCAGAGAGAAGGTTTCTAGTTTTGTGAAATTAA
CTGAGTTATACTACGCTGGAAGTCATGGCATGGACATCAAAGGACCAGAGCAAGGATCTAAATACA
AGAAAGAAAATCAGTCTCTTCTTTGTCAACCCGCAACTGAATTCTCTCCCGGTGATAAACGAGGTTT
ATAAAAACTAGTCGAGAACACTCAATCGATTCCAGGAGCGAAAGTTGAGAACAAACAAATTTTGTG
CGTCTGTTCACTTTCGATGCGTAGAAGAAAATAAATGGAGTGACTTGGCCCATCAAGTTCGATCAG
TCTTGAAGAATTACCCCAAGCTCATGCTTACCCCAAGGAAGAAAAGTATTGGAGATTTCGTCCAATCA
TTAAGTGGGATAAAGGCAAAGCACTCGAGTTTTTGTGTAATCACTAGGATATGATAATTGTACCG
ATGTTTTTCTTATATATATTGGAGATGATCGTACCGACGAAGACGCCTTTAAGATACTGAGAGACA
AAAAACAAGGTCTTGAATTCTTGTGTCCAAATACGCAAAGGAGACTAATGCTTCTTATTCTTTGC
AAGAGCCAGATGAGGTTATGGTTTTTTTAGAACGTTTGGTGGAAATGGAAACAGTCAAGGTGTGGGG
CATGAAGAGTTTACAAGTACAGGAGAACTTGTTCTTTTTTCTTTTTTCTTTTTTACTATGTAGTATT
GGTAAAGATTCTAACGTATAAGAGAACGAGAATAAGTTTATTAATATAACAAGAAGACAAATATTG
AGGTT

SEC ID Nº: 16, proteína – Arabidopsis thaliana

MVRFIEENITKMLETKAISNSEVLYVGGDDGDTSPITKVLHDFQINSGGLIRSWVDSMRACSPTR
PKSFNSQSCWIKHEHPSALNMFEELHKSEGKQIVMFLDYDGLSPIVDDPDRAFMSSKMRNTVRKL
AKCFPTAIVSGRCREKVSSFVKLTLEYAGSHGMDIKGPEQGSKYKKENQSLLCQPATEFLPVINE
VYKKLVENTQSIPGAKVENNKFCASVHFRCVEENKWSDLAHQVRSVLKNYPKMLLTQGRKVLEIRP
IIKWDKKGKALEFLLESLGYDNCTDVFPYIGDDRTDEDAFKILRDKKQGLGILVSKYAKETNASYS
LQEPDEVVMVFLERLVEWKQSRCGA

SEC ID Nº: 17, ADN – Arabidopsis thaliana

TTTCTTCTCTTCTCCTACATTCTCGACTCTCTCTTTTTATTAGGGTTTTCAATTTTAATCAAAAA
AAAACCCTCAAATCTCATTTTTTGGATTTGGTTTCTTCTGCGATCTCTGAGATTCAATTTCTTCTAT
CAAAGGAAACAAAAAACTTCATCTTCCGAAGATTTTTTTTCTTCTTCTGAGCTCTTTTGAAT
CAGGTGAATTTCTAATTGAATCTGAAAGTTTACGATGAACAATTTGATATGATGATAAGTTTTGTT
TGATGGAGCTTTCACCAACAAGCAGTGACAAGAAAACAATGAAGAGATGGTTTTTTCATAGATAAAC
GAGTTGGATAGAGTGTTATTGAAGATAAAGAAAGCAAAAAACAGAAGTTCTTGCATTGAAGCATTG
GTTTTAGAGTTTATTGAAGCATTTGTTTAGAGTTTTGATTAATGGATTAAACTCAAACCACAAATC
CTCTGTTCTTAAAGATCCTTCACCATCAGTTAACCAATCAAGACTCGGCGTGTCTAGTAGATTTAT
GATGAGTCAATGGAAGAAACCTGCGAAACTCGATGATGTTAGATCCAATGGTTGGTTAGATGCAAT
GATTTTCATCTTCTCCACCGCGTAAGAAGCTTGTCAAAGATTTTAATGTTGAAGTTGCTCCTGAAGA
TGATTTTGCTCAACGTGCTTGGATGGTGAAATATCCTTCGGCGATTAGCTCGTTTGCGCATATTGC
AGCTCAAGCAAAGAAGAAAAAGATTGCTGTATTTCTAGATTATGATGGTACTCTTCTCCAATAGT
TGATGATCCTGATCGTGCCATCATGTCTGATGCAATGCGTTCTGCGGTTAAAGATGTCGCGAGTTA
CTTCCCAACCGCAATAATTAGCGGTAGAAGCCGTGACAAGGTTTATCAGTTGGTAGGACTAACAGA
ACTTTATTACGCGGGTAGTCATGGAATGGACATAATGACTTCTTCTGATGGTCCGAATTGTTTCAA
ATCCACTGACCAACAGGGTAAGGAAGTGAATCTGTTTTCAGCCCGCGAGAGAATTCATACCGGTTAT
CGACGAGGTTTTTTAGAACCCTTGTGAGAAAATGAAAGATATCAAAGGTGCAAAAGTAGAGAACCA
CAAGTTCTGTGCATCTGTACATTACCGTAACGTTGACGAAAAGGATTGGCCTATTATTGCTCAGCG
TGTTTCATGACCACTTGAACAATAACCCTCGTTTGCCTTAACCTCATGGGAGGAAGGTTTTAGAGGT
TCGTCCTGTGATAGACTGGAACAAAGGAAGAGCGGTGAGTTTCTATTAGAATCTCTCGGATTAAG
CAATAAAGACGATTTGCTTCTATCTACATTGGTGATGACACAACCGATGAAGATGCGTTCAAGGT
ACTGAGAGATGGGAACCGAGGTTTCGGCATCCTAGTATCGTCTATACCGAAAGAAAGCAATGCGTT

Figura 8 (continuación)

TTACTCCCTTAGAGATCCATCCGAGGTGAAGAAGTTTCTAAAGACTTTGGTGAAATGGGCAAAGTT
GGAGAAGAATTCTACTGGTTTTTGAATAATATAGTGGAATTTTATGATTAAATGCTTATTTACACT
TTTTTTTGTCTTTAATCTTTTTTCATCTCTACCCAGTTTTAGTCACAGCTTAATTTATGATTTT
CCATTTATCTGGTGGAAGTTAAGTTATTAAAGTTACATGT

SEC ID Nº: 18, proteína – Arabidopsis thaliana

MDLNSNHKSSVLKDPSPSVNQSRLLGVSSRFMMSQWKKPAKLDDVRSNGWLDAMISSSPPRKKLVKD
FNVEVAPEDDFAQRAWVKYPSAIISSFAHIAAQAKKKKIAVFLDYDGTLSPIVDDPDRAIMSDAMR
SAVKDVASYFPTAIISGRSRDKVYQLVGLTELYYAGSHGMDIMTSSDGPNCFKSTDQQGKEVNLFQ
PAREFIPVIDEVFRTLVEKMKDIKGAKVENHKFCASVHYRNVDEKDWPIIAQRVHDHLKQYPRRLR
THGRKVLEVRPVIDWNKGRAVEFLLESGLSNKDDLPIYIGDDTTDEDAFKVLRDGNRGFGILVS
SIPKESNAFYSLRDPSEVKKFLKTLVKWAKLEKNSTGF

SEC ID Nº: 19, ADN – Arabidopsis thaliana

GTGAGCTCTTTGCAATTTTTAGGGTTTTCTTCAATAAAGAAAAAAAAAATCCCTGATCTTCCTCT
TAGTGATTTCTCCTTTTCGAGATCCCTGAGATTCAGAGAAAATCTGCATTTTTTTCTCGTGATTCTC
TAGCTCTGTTTTGTGTTTTACACAGCTCTTTTGAATCAGGTTTGTGTGTGATAGCGTTGTTGTGGT
AAAAGCTTTGTACATTTGAAGATTTAGAGATGATAAGTTTTTCAGGTAACCTACTTTTAATGGACAG
TTCAACAACAAGCAGTGATAAGAAAACACTAAAGAGGTGGTTTTTCATTGACAAAAGAGTTGGATA
AAGTGTGTTTAGAAGAAGCCGTCGAATTTCTTAGTTTGAAGCATTTTATTGTTTGGAGAGTTTCGAT
GGATTTGAATATAAACAAGACGACCCCTGTTCTTAGTGACCCTACTACACCAGTAAGTAAAACAAG
ACTTGATCATCCTTCCCTTCAGGGAGATTCATGATGAATCTAGAAAAGAAGATTCCTAAACTCGA
TGATGTTTCGATCTAACGGTTGGTTGGACGCGATGATATCTTCGTCTCCACCGCGTAAAAGGCTTGT
CAAGGATTTCAATATTGAGATTGCTCCTGAAGATGATTTTTCTCAACGGCCCTGGATGCTCAAGTA
TCCTTCAGCGATTACCTCGTTTGCATATTTGCAGCTCAAGCAAAGAACAAGAAGATAGCTGTGTT
TCTAGATTATGATGGAACACTTTCTCCAATAGTCGATGACCCTGATCGCGCCATCATGTCTGATGC
GATGCGTGCTGCTGTGAAAGATGTCGCCAAGTACTTCCCAACAGCAATAATTAGTGGTAGAAGCCG
TGACAAGGTTTACCAATTGGTAGGGCTAACCGAAGCTCTATTACGCGGGTAGTCACGGGATGGACAT
TATGACTCCTGTAAATCCAAATGGATCCCCTGAAGACCCTAATTGTATAAAAACCACTGACCAACA
GGGTGAGGAGGTAAACCTCTTTCAGCCTGCTAAAGAGTTCATACCCGTCATTGAAGAGGTTTATAA
TAACCTCGTTGAGATAACTAAATGTATCAAAGGTGCAAAAGTAGAGAACCATAAGTTTTGTACTTC
TGTACATTACCGTAATGTTGACGAGAAGGACTGGCCACTTGTGCTCAACGCGTTCATGACCACCT
GAAACGATACCCCTCGTTTGCATATACTCACGGTAGAAAGGTTTTAGAGGTGCGTCCTGTGATTGA
GTGGAACAAAGGAAAAGCAGTAGAGTTTCTGTTAGAGTCTCTCGGATTAAGCAACAACGATGAGTT
CCTCCCAATCTTCATCGGAGATGACAAGACCGATGAAGATGCATTCAAGGTACTGAGGGAAGGGAA
CAGAGGATTTGGAATATTGGTATCGTCTGTACCAAAGAAAGCAATGCATTTTACTCTCTTAGAGA
CCCTTCCGAGGTGAAGAAGTTTCTCAAGACTTTGGTGAAATGGGGGAAGATGGAAAAGTTCAAAAAC
AAGTTTTTGATGATTGTGTAGGAGAATCAGAAGCTTCATTCTGCACTGCTTTTTAATTTCTTATTT
TTTTTCTTTTTTTAAAGTTTGTACTTCTATATATTATCATTTTTTCCATATTATCCATTAAGCAAAC
GGGAAAACAAGAATATAACGATTGTCTTGACATTTT

SEC ID Nº: 20, proteína – Arabidopsis thaliana

MDLNINKTTPVLSDPPTPVSKTRLGSSFPSPGRFMMSNRKKIPKLDDVRSNGWLDAMISSSPPRKRL
VKDFNIEIAPEDDFSQRAWMLKYPSAITSFAHIAAQAKNKKIAVFLDYDGTLSPIVDDPDRAIMSD
AMRAAVKDVAKYFPTAIISGRSRDKVYQLVGLTELYYAGSHGMDIMTPVNPNGSPEDPNCIKTTDQ
QGEEVNLFQPAKEFIPVIEEVYNNLVEITKCIKGAKVENHKFCTSVHYRNVDEKDWPLVAQRVHDH
LKRYPRRLRITHGRKVLEVRPVIEWNKGKAVEFLLESGLSNNDLPIFIGDDKTDEDAFKVLREG
NRGFGILVSSVPKESNAFYSLRDPSEVKKFLKTLVKWGKMESKTSF

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 21, ADN – Arabidopsis thaliana

GTCTCTCTCAAAGCCTACACACTCATTCTCACTCTGTTTCTACAACCCTAAATCTCTTTTCATTTA
 CAGACAGAAATGGTTAGATTTCATAGAAGAAAACACAAAACCTTGTAAGAAAAGAAACCGGGAACAAA
 TCAAACAACGATGTAACAACAACGAAGAAGAAAGCTCTTCAAGATATCATTATCAACAATGGAGTA
 GGATTGATCAATTCATGGGTGATTCAATGAGAGCTTGTTCCCCTACTCATCTTAAATCTTTGTTG
 AAACAAAGCTCTTGGCTCACGGAACATCCATCAGCTTTGGATATGTTTGAAGAGATTCTTCACCTT
 TCTGAAGGAAAACAAATCGTTATGTTCTTGGATTATGATGGCACTTTATCTCCCATTGTTGATGAT
 CCAGATCGAGCTTTTCATGTCTAGAAAGATGAGAAGAACTGTGAGGAACTAGCAAACCTGTTTCCCG
 ACGGCCATAGTTAGTGGGAGATGCATAGAAAAGGTTTATAACTTTGTAAAACTAACTGAGTTGTAC
 TATGCTGGAAGTCATGGAATGGACATCAAAGGACCAGAGCAAGGGTCCAAATATGAGCAAAATTTTA
 CAGGATAGTAAATCTCTTTTGCCAACCAGCTACAGAGTTTCTCCCCATGATCGACGAGGTTTAT
 CATAAATTAGTGGAGAAAACAAAATCTACTCCCGGAGCCCAAGTAGAGAACAACAAATTTTGTGTC
 TCTGTTCACTTCCGACGCGTAGATGAAAATAACTGGAGTGATTTGGCTAACCAAGTTTCGATCAGTA
 ATGAAAGACTACCCTAAGCTCCGTCTTACTCAAGGAAGAAAAGTTTGGAGGTTTCGTCCGATTATT
 AAATGGGACAAAGGCAAAGCACTCGAGTTTTTATTAGAGTCACTTGGATACGCTAATTGTACCGAC
 GTTTTCCCTCTTTATATCGGAGATGATCGCACCGACGAAGATGCATTCAAGGTATTGAGAGAACGA
 AGACAAGGTCTTGGCATTCTTGTATCTAAATTTCCAAAGGAGACTAGCGCGTCTTATTCAGTCAA
 GAACCCGATGAGGTTATGGAGTTCTTGCAACGTTTAGTGGAATGGAAACAATTGAGATCTGGAGCA
 TGATGAGAGCTATAACTACAGAAGAATCGTTTCTTCTTAATTAGTAACCTTGTTAATTTTATTTAT
 TTTCTTGCTCTCATATATTGTACTCAACGCGTATGTAAATGTTTATAAGAAAATTGTAGATCCAT
 CATTCTCAAGGAAAATATGTTTTATATAT

SEC ID Nº: 22, proteína – Arabidopsis thaliana

MVRFIEENTKLVEKETGNKSNNDVTTTKKALQDIIINNGVGLINSWVDSMRACSPHLKSLLKQS
 SWLTEHPSALDMFEEILHLSEGKQIVMFLDYDGLSPIVDDPDRAFMMSRKMRRRTVRKLANCFPTAI
 VSGRCIEKVYNFVKLTLEYAGSHGMDIKGPEQGSQYEQILQDSKSLCQPATEFLPMIDEVYHKL
 VEKTKSTPGAQVENNKFCVSVHFRRVDENNWSDLANQVRSVMKDYPKLRLTQGRKVLVLRPIIKWD
 KGKALEFLLESGLYANCTDVFLYIGDDRTDEDAFKVLRERRQGLGILVSKFPKETSASYSLOEPD
 EVMEFLQRLVWEKQLRSGA

SEC ID Nº: 23, ADN – Arabidopsis thaliana

ATGTCAGCTAGTCAAAACATTGTCGTATCAGAGACTACAATGTCAAGTATCATCCCCAACAAACAAC
 AACAAACAACAACACTCTTCTTCACAGAACTCCCTCCTTGTTTAATCTCAATTTCCAAGAAAAAG
 CTTCTCAAGAACATCGACATCATCAATGGTGGTGGACAAAGAATCAACGCTTGGGTAGATTCAATG
 CGTGCTTCTTCTCCTACTCATCTCAAATCTCTTCTTCTTCTATCTCCACACAGCAACAACCTCAAC
 TCATGGATCATGCAACATCCTTCAGCACTAGAAAAATTGGAACAGATAATGGAAGCTTCGAGAGGG
 AAACAAATCGTAATGTTTCTTGATTATGACGGTACTCTCTCTCCCATTGTTGATGATCCAGACAAA
 GCTTTCATGTCAAGCAAGATGAGAAGAACAGTGAAAAAACTGGCTAAGTGTTTCCCCACTGCTATA
 GTTACTGGTAGATGCATAGACAAGGTGTATAACTTTGTGAAGCTTGCTGAGCTGTATTATGCTGGA
 AGCCATGGCATGGACATTAAAGGTCCAGCAAAAAGGCTTCTCCAGACACAAGAGGGTTAAACAGTCT
 CTTCTGTACCAACCAGCTAATGACTATCTTCCCATGATCGATGAAGTTTATAGACAACCTTTGGAA
 AAAACAAAATCGACTCCAGGAGCCAAAGTAGAAAACCACAAGTTTTGTGCTTCTGTGCACCTTTCGC
 TGCGTCGATGAGAAGAAATGGAGCGAACTGGTTCTACAGGTTTCGGTCGGTATTAAAGAAATTCCCT
 ACGCTGCAACTGACCAAGGTCGGAAGGTTTTCGAAATCCGTCCAATGATTGAATGGGATAAAGGA
 AAGGCTCTTGAGTTCTTGTTAGAATCACTTGGATTTGGGAACACTAACAATGTTTTCCCGGTTTAT
 ATTGGTGACGATCGAACTGACGAAGATGCATTTAAGATGCTACGAGACAGAGGCGAAGGCTTTGGC
 ATTCTTGCTCCAAGTTTCCAAGGATACTGATGCTTCGTATTCTTTGCAAGATCCATCCGAGGTG
 ATGGATTTCTTACGACGATTGGTGGAATGGAAACAATGCAGCCAAGAATGTGAAATGATAATATA

Figura 8 (continuación)

ATAAACGAGTGACAATATTCGAAATGCCAATGGATGTATATAATGAATATGTTTCATGCCTAACTTT
TTTAGGAACGTTGTAATTGGTAAAGGATATGGCAGTGTCTTTAACGTACCCCCATTAGGTTAATCT
TCTTGTTCTGCACATTGTATTTTTTGT

SEC ID N°: 24, proteína – Arabidopsis thaliana

MSASQNIIVSETTMSSIIIPNNNNNNNNSSSSQKLPPCLISISKKKLLKNIDIINGGGQRINAWVDSM
RASSPTHLSLPSSISTOQQQLNSWIMQHPSALEKFEQIMEASRGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDK
AFMSSKMRRTVKKLAKCFPTAIVTGRCIDKVYNFVKLAELYAGSHGMDIKGPAKGFSRHKRVKQS
LLYQPANDYLPIMIDEVYRQLEKTKSTPGAKVENHKFCASVHFRCVDEKKWSELVLQVRSVLKKFP
TLQLTQGRKVFEIRPMIEWDKGKALEFLLES LGFGNTNNVFPVYIGDDRTDEDAFKMLRDRGEGFG
ILVSKFPKDTDASYSLODPSEVMDFLRRRLVEWKOMOPRM

SEC ID N°: 25, ADN – Arabidopsis thaliana

GATACAATCTTAGTAATCACACTTGAGTATTTTTCTTAACTGGTTTTGTTTCTTGGCATCTTCATT
TCAGGGTCTATATTTCTCTGAGGAATTGGATTCTTATAGAAGTTAAACCGCAGAGCTTCTTCTATC
CAATAGTCCCTCTGAGAATCGTCGATATAGTTTGCTGATATAGTTGTTATGGACATGAAATCTGGTC
ACTCGTCTCCTGTAATGACTGATTCTCCACCAATAAGCAACTCAAGATTAACCATTCGTCAGAATA
GACTTCCTTACTCATCAGCAGCAGCCACGGCTATCTCACAGAACAACAATCTCTTACTAACCGTTC
CAAGAAAGAAAACCTGGGATCCTTGATGATGTTAAGTCTAATGGTTGGCTTGATGCGATGAAATCTT
CTTCTCCTCCTCCTACAATACTTAAACAAAGATAACTTAAAGCAATGATGCTACGGATATGACTTATC
GCGAATGGATGCAGCTCAAGTATCCATCAGCTCTTACCTCTTTTGAGAAAATCATGAGTTTTGCA
AAGGCAAAAAGAATAGCATTGTTTCTTGATTATGACGGGACACTTTCGCCTATTGTTGAGGAACCTG
ATTGTGCATACATGTCAAGTGCTATGCGTAGTGCAGTGCAAAATGTTGCCAAGTATTTCCCTACCG
CGATCATTAGTGGAAGAAGCCGGGATAAGGTGTATGAGTTTGTTAATTTGAGTGAACCTTTATTACG
CCGGAAGCCATGGAATGGACATCATGAGTCCCGCAGGAGAATCTTTAAACCATGAACATAGCCGTA
CTGTATCAGTTTACGAACAGGGGAAAAGATGTAAATCTATTCCAGCCTGCTAGCGAGTTTTCTCCCGA
TGATCGATAAGGTGCTTTGTTCTCTTATAGAGAGTACAAAAGATATCAAAGGGGTAAAAGTAGAAG
ACAACAAGTTCTGCATCTCTGTGCATTACCGCAATGTAGAAGAAAAGAACTGGACATTGGTTGCAC
AGTGTGTAGATGATGTATCAGAACATATCCAAAACCTACGGCTAACACATGGCCGGAAGGTTTTAG
AGATCCGTCCTGTGATTGACTGGGACAAAAGGGAAAAGCTGTGACATTTCTACTTGAATCACTCGGC
TAAACAACCTGTGAGGATGTTCTTCCAATCTATGTTGGGGATGATCGAACAGACGAAGATGCATTTA
AGGTACTACGAGATGGACCAAACCACGGTTATGGTATATTAGTCTCTGCTGTGCCTAAAGACAGCA
ATGCCTTTTTACTCGCTTCGTGACCCGCTCTGAGGTGATGGAGTTTCTGAAGTCATTGGTGACATGGA
AGAGATCAATGGGTTAAAGTAGAAGAAGAAGATGTAGAAGAAAAGTGGTTAACGTTAATATATATT
ACAAATATGCAAGTTAGAGGTTTTATTGTTACTTTTTCGGCTTTATACAAAACCTACCGTTGAGATTT
AACTTAAACGGTATCGGAGGAGAGATCACATGATGGCTTAAACATGCCGGAGATACTTTTTCCGAC
CAATCTCTTTATCTTCTACAACCTGTAAATTCCTCCATCTC

SEC ID N°: 26, proteína – Arabidopsis thaliana

MDMKSGHSSPVMTDSPFISNSRLTIRQNRLPYSSAAATAISQNNNLLLLTVPRKKTGILDDVKSNGW
LDAMKSSSPPTILNKDNLSDATDMTYREWMQLKYPSALTSFEKIMSFAGKRIALFLDYDGTLS
PIVEEPDCAYMSSAMRSQVAKYFPTAISGRSRDKVYEFVNLSELYYAGSHGMDIMSPAGESL
NHEHSRTVSVEYEQGKDVNLFQPASEFLPMIDKVLCSLIESTKDIKGVKVEDNKFCSVHYRNVEEK
NWTLLVAQCVDVIRTPKLRRLTHGRKVLIRPVIDWDKGKAVTFLLESGLNNCEDVLPYVGDDR
TDEDAFKVLRDGPNGHYGILVSAVPKDSNAFYSLRDPSEVMEFLKSLVTWKRSMG

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 27, ADN – Arabidopsis thaliana

GAACACTTCAAAAAACATAGCAACTTCACCTTCTTCCTCCTCCTTCCTAGTTTCTCGTTTGGTCTCA
 TTCTCTTTAATTACCTCCTCCTCTGTTCTGCTCATCCCCTGTTTTTATAGTTTTATATAAAATGGT
 GAGCCAAAACGTCGTCGTATCAGACGCCAAGACCGGGATCATAACGGTCTCTACAGTCTCTAACTC
 CTCTGTCTTTACTCCTACCGCTCAAAAACACCGACTGCTCCTGGTTACATCTCAGTTTCCAAGAA
 AAAACTCCTCAAAAACCTTGAAATCAATGGAGCTGATCAAAGTCAAAGACTTAACTCTTGGGTTGA
 CTCCATGAGAGCTTCTTCTCCTACCCATCTCAAATCACTTTCTCTTTCTCTTCCGAAGAAGAACA
 CAATTCTTGGATCAAACGACATCCATCAGCACTTAACATGTTTCGAACGAATCATCGAAGAAGCAAG
 AGGAAAACAAATCGTCATGTTTCTTGATTATGACGGTACTCTTTCTCCGATCGTGGATGATCCAGA
 CAGAGCTTTTCATGACTAGCAAGATGAGAAGAACAGTGAAAAAAATGGCTAAGTGTTTTCCAACCTC
 CATAGTTACTGGTAGATGCATCGACAAGGTTTTATAGCTTTGTGAAGCTAGCAGAAGTGTATTATGC
 TGGAAGCCATGGGATGGATATTAAAGGCCCACTAAAGGTTTTCTCAAGATACAATAAGGATAAACC
 ATCCGTTCTTTACCAACCAGCCGGCGACTTTCTTCCCATGATCGATGAGGTTTATAAACAATTAGT
 GGAGAAAACCAAATCTACACCAGGAGCCAAAGTGGAGAACAACAAGTTCTGTCTTTCTGTGCACTT
 CCGTTGTGTTGACGAGAAGAAATGGAGCGAGCTGGCTTCAAAAGTTCGGTCGGTGGTAAGAAGCTA
 TCCGACGTTGAAACTGTCTCAAGGTCGAAAGGTTTTTGAAATCCGACCTATAATTAATGGAACAA
 AGGCAAGGCTCTTGAGTTTTTGTGTAGAGTCACTCGGATTTGAAAAGTGTAAACGATGTATTTCCAAT
 TTACATTGGTGATGATAAAACCGATGAAGATGCATTTAAGCTACTACGAGGGAGAGGACAAGGCTT
 TGGTATTCTTGTCTCCAAGTTCCCCAAAGACACAGTGCCTCGTATTCTTTACAAGACCCACCTGA
 GGTGATGAATTTCTTGGGACGGTTGGTGGAGTGGAAACAGATGCAGCAATAAACGTGCAAGGGGCA
 ATGAAGTACATTTAGTAGTCTTTTTTAATAAAACGAGAATATTACATACTATAGGTGCATATATAGA
 TATAATATGTACATCCCTAACCTATAATGGAACATTGTACAAGATCCTCTTATAGATTGATCTTGT
 TCATCACAAATCTTTTCTTTTAGTAAAAGAGATTATATGAACAAGAAAAATGGGGAACCTTTATCG
 ATTTGGGGATATATTATTATAGCCTTCTATCTTTATTGCTTGTAGGCAATTTCTTACTTTTCAAGT
 TAGGCTATTGTA

SEC ID N°: 28, proteína – Arabidopsis thaliana

MVSQNVVSDAKTGIITVSTVSNSSVFTPTAQKPPTAPGYISVSKKKLLKNLEINGADQSQRNSW
 VDSMRASSPTHLKSLSSFSSEEHNSWIKRHPSALNMFERIIEEARGKQIVMFLDYDGLSPIVDD
 PDRAFMTSKMRRTVKKMAKCFPTSIVTGRCIDKVYSFVKLAELYAGSHGMDIKGPTKGFSTRYNKD
 KPSVLYQPAGDFLPMIDEVYKQLVEKTKSTPGAKVENNKFCLSVHFRCVDEKKWSELASKVRSVVK
 NYPTLKLSQLRKVFEIRPIIKWNKGKALEFLLESIGFENCNDVFPYIIGDDKTDDEAFKLLRGRGQ
 GFGILVSKFPKDTASYSLSLQDPPEVMNFLGRLVLEWKQMQQ

SEC ID N°: 29, ADN – Populus trichocarpa

ATATGCAGAGTTTAGTTTACACAAGCGGAGATGACAAACCAGAATGTGGTTGTGCCTGATGCCAAA
 CAGGGTATTGATATCACCATCGCAATGGTGCTGCCCAAGTCTCTGTTTTACCTGTTGTGCCAAAG
 CCATTGCCTGCCGCTCCTGGTGGGTATTTACAATAACCCGAAAGAGGTTCTCGAAGAAGACAGAA
 ACTGGAGGCAAAATCAGTTTCTGGGTTGATTCTATGAGGGATTCTTCACCTACCCGTGTCAAATCC
 ACCACTTCTTTATCAGAACTGAAGAGAAAAATCTTGGATTGTAAACCATCCTTCTGCTCTGAAC
 ATGTTTGAGCAAATAGTGAAAGGCTCAAAGGGAAAGCAGATTGTGATGTTTCTTGATTATGATGGT
 ACACTGTCACCCATTGTTGAAGATCCTGACAGAGCATTTCATGACCAATGAGATGAGAGAAGCTGTC
 AGGGACGTTGCTAGATACTTTCCACGGCTATAGTGACGGGAAGGTGTAGAAAAAGGTGTATAGC
 TTTGTAAGATTGGCAGGGCTTTATTATGCTGGTAGCCATGGCATGGACATCAAGGGACCATCCAAA
 AATAATTGCAAATACGAAAAAGGTGGTGTACTCTTTCAACCTGCCAGTGAATTTTTACCCATGATT
 GATGAGGTGTACAATGTCTTGTGGAGAGAACAAAATCTATCCAGGAGCTAAAGTAGAAAAACAAC
 AAATTTTGCATATCCGTACACTTTCGATGTGTTGAGGAAAAGATGTGGGCTATATTAGTAGAGCAA
 GTCCGATCAGTTCTCAATGATTATCCCAAGCTTAGATTAACTCAAGGGAGGAAGGTTTTAGAGATC

Figura 8 (continuación)

CGACCCACCATTAAATGGGACAAGGGCAAAGCTCTTGAATTCTTGTTAGAGTCATTAGGATATGCC
AATTCTACTGACGTTTTTCCGGTCTATATTGGAGATGATCGAACTGATGAGGACGCATTCAAGGTT
CTAAGAAACAGGGGGCAAGGGCTTGGGATTCTTGTTTCTAAAGTTCCCAAGGAAACAAATGCCTCT
TATTCTCTACAGGAACCAAAAGAGGCAAGTTCTTTAATGTAACAAGCAAGTTGTTATACGTTTTATT
TGTGGTAATAATTATTGTTAAATTTTCAGTTTTGCAAGTTCGACTAATAAATCATA

SEC ID N°: 30, proteína – Populus trichocarpa

MTNQNVVVPDAKQGIDITIAMVLPKSLFSPVVPKPLPAAPGGYFTITRKRFSKKTETGGKISSWVD
SMRDSSPTRVKSTTSLSETEEKNSWIVNHPSALNMFQIVKGSKGKQIVMFLDYDGLSPIVEDPD
RAFMTNEMREAVRDVARYFPTAIVTGRCRKKVYSFVRLAGLYYAGSHGMDIKGPSKNCKYEKGGV
LFQPASEFLPMIDEVYNVLLERTKSI PGAKVENNKFCVSVHFRCVEEKMWAILVEQVRSVLNDYPK
LRLTQGRKVLEIRPTIKWDKGKALEFLLSLGYANSTDVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRNRGQGLGI
LVSKVPKETNASYSLQEPKEASSLM

SEC ID N°: 31, ADN – Populus trichocarpa

GTGTGCAGAGTTTAGTTTATACAAACAGAGATGACAAACCAGAATGTGGTTGTGCCTAATGCCAGA
AAAGGTGTTGATATCACCATCACAATGGCCCTGTCCAAGTCTCTGTTTTACCTGTTGTGCCGAAG
CCATTGCCAGCTGCTCCTGGTGGGTATTTACAATATCCCGGAAGATGTTTCGCAAGAAGACTGAA
ACTGGAGGCAAAACCAATTCTTGGGCTGATTCTATGAGAGATTCTTCACCTACCCGTGTCAAATCC
ACTACGCTCTTTATCAGAAATCGAGGAGAAAAATACTTGGATTGTAAATCATCCTTCTGCTTTGAAC
ATGTTTCGAGCAAAATAGTGAATGGCTCAAAGGGGAAAACAGATTGTAATGTTTTTAGATTATGATGGT
ACACTGTCACCCATTGTTGAAGATCCTGACAGGGCATTCATGACCAACGAGATGAGAGAAGCTGTT
AGGGACGTCGCTAGATACTTTCCCACTGCTATAGTGACGGGAAGGTGTAGGGATAAGGTGTACAGC
TTCGTAAGATTGGCAGGGCTTTATTACGCTGGTAGCCATGGCATGGACATCAAGGGACCATCCAAG
AATTGTTGCAGAAACAAAAAAGATTATCAAGGTGTACTTTTTCAACCTGCCAGTGATTTTTTACCC
ATGATTGATGAGGTGTACAAATGCTTTGCTGGAGAGAAACAAAGTATATCCCAGGGGCTAGAGTAGAA
GACAACAAATTTTGCATATCCGTACACTTTCGTTGTGTCGAGGAAAAGATGTGGGCTGCATTAGTA
GAGCAAGTAAGATCAGTTCTCAATGGTTATCCAAAACCTTCGATTAACCTCAAGGGAGGAAGGTTTTA
GAGATCCGACCCACCATTAAATGGGACAAGGGCAAAGCTCTTGAGTTCGTGTTGGAATCATTAGGA
TATGCCAATTCTACTGATGTTTTACCAGTTTATATTGGAGATGATCGAACTGATGAGGATGCATTC
AAGGTTCTAAGAAACAGGGGACAAGGGCTTGGGATTCTTGTTTCTAAAGTTCCCAAGGAAACAAAT
GCCTCGTATTCTCTACAAGAGCCAACAGAGGCAAGTTCTTTAATCTAACAAGCAAAGGGGTTATGA
TTAATTTCTGGTGCTAATTATGGTTGATTTTCAATCTTACAAGATGGACTGATGAATTATGT

SEC ID N°: 32, proteína – Populus trichocarpa

MTNQNVVVPNARKGVDITITMALSLSLFSFVVPKPLPAAPGGYFTISRKMFAKKTETGGKTNISWAD
SMRDSSPTRVKSTTSLSEIEEKNTWIVNHPSALNMFQIVNGSKGKQIVMFLDYDGLSPIVEDPD
RAFMTNEMREAVRDVARYFPTAIVTGRCRDKVYSFVRLAGLYYAGSHGMDIKGPSKNCCRNKKDYQ
GVLFQPASDFLPMIDEVYNALLERTKYI PGARVEDNKFCSVHFRCVEEKMWAALVEQVRSVLNGY
PKLRLTQGRKVLEIRPTIKWDKGKALEFVLES LGYANSTDVLPVYIGDDRTDEDAFKVLRNRGQGL
GILVSKVPKETNASYSLQEPTEASSLI

SEC ID N°: 33, ADN – Populus trichocarpa

ATTTTGGTTTTTTGTTTTTTCTAGTGGAAGATGACAAACCAAAATGTGGTAGTGGCTGATACAAAC
TCTGGACTCAACTTGGCAATCACAGTGCATGTAACAAACTCCTCTATCTTCACAACGGCGGCCAG
AAACCTCCAGCGGCACCAGGTGGTTACATATCCATTTCTAGAAAAGAACTCTTAAAGAATCTGGAA
ATCAATGGAGGAGCAAGAATTAATGCTTGGGTTGATTCCATGAGAGCCTCATCTCCTACTCATATC
AAGTCCACGCCTTCTGTTAATGAAGACCAAGCTCATGGATTCTTCACCACCCATCAGCACTGGAG

Figura 8 (continuación)

ATGTTTGAGCAGATAATTGATGCCTCTAAAGGAAAGCAAATTGTTATGTTCTTGGAATATGATGGC
 AACTTTCTCTCTATTGTTGATGACCCAGATAAAGCTTTTCATGTCCAAGCAGGTGATGAGAGCAACA
 GTGAGAAAGCTTGCAAGATTTTTCCCTACTGCAATAGTGAGTGGGAGGTGCAGAGACAAGGTGTAT
 AACTTTGTACGGTTAGCAGAACTGTACTATGCTGGAAGCCATGGCATGGACATTAAAGGACCAGCA
 AAAGGCTCCAAATACAAGAAAGTGAGTGAGCTTTTACCCTGTATTTGCAAGTACCATCCAGGCGGT
 GATGGTGTGTCTTTTCAAGGCTGCCAGTGAATTTCTTCCCATGATAGATGAGGTTTACGAAGAATTG
 GTAGAGAAAACATAAAACAACCTCCAGGGGCCAAGGTGGAGAACAAACAAATTTCTGCCTCTCTGTGCAC
 TATCGCTGCGTTGATGAGAAAAATGGAGTGGACTGGCACAAGTAGTTAAGTCAGTGTGAAGGAG
 TACCCAAAGCTTCGACTTACTCAAGGAAGAAAGGTTTTAGAAATCCGCCCTACCATTAAATGGGAC
 AAAGGAAAGGCTCTTGAATTTTTGTTAGAGTCACTTGGATTCGCCAATTGCACTGATGTTTTTCT
 GTTTTACATTGGAGATGATAGAACAGACGAAGATGCATTTAAGGTACTAAGAGAGAGAGGACAAGGT
 TTTGGTATCTTGGTCTCTAAATCCCAAAGGACACTAGTGCATCTTATTCCTACAGGAACCCACC
 CAGGCAAGTTATGGATTTCTTGGCAGCTTTGGTGGAGTGGAAACGGCTGGCCTTTCAAGGGCGGTC
 AAGGGTGGTGTAAAGAGTAGTGGGAAGATTGAGACAGTACAGATATACCCACCCCTTCAAGAAATG
 TAATTAAGGGTGGGATGTTAGACTATGTGATCATCTCTTGTTCAGATTAAAAAGTATGAACAAGA
 AAAGTAGGGAAATATAA

SEC ID Nº: 34, proteína – *Populus trichocarpa*

MTNQNVVVADTNSGLNLAITVHVTNSSIFTTAAQKPPAAPGGYISISRKLLKNLEINGGARINAW
 VDSMRASSPTHIKSTPSVNEQSSWILHHPSALEMFEQIIDASKGKQIVMFLDYDGLSPIVDDPD
 KAFMSKQVMRATVRKLARFFPTAIVSGRCRDKVYNFVRLAELYYAGSHGMDIKGPAKGSKYKKVSE
 LYHCICKYHPGGDGVVFQAASEFLPMIDEVYEELVEKTKTTPGAKVENNKFLSVHYRCVDEKKWS
 GLAQVVKSVLKEYPKLRLTQGRKVLIRPTIKWDKKGKALEFLES LGFANCTDVFPVYIGDDRTDE
 DAFKVLRRERGQGFILVSKI PKDTSASYSLOEPTQASYGFLATFGGVETAGLSRAVKGGVKSSGKI
 ETVQIYPPLQEM

SEC ID Nº: 35, ADN – *Populus trichocarpa*

TCACAAGTACTACCAAGTAATTTGGCTACCATGGATATCGAGTCAAACCATTCCTTCTCTCTGTTCTC
 ACTGATCCTGCTCCAATAAACAAGTCAAGGCTCGGCATCCATTCTAATTTGTTGTCTTACGCACCA
 TCGGGAGGATCACTCTCTCTAGCAAGTATAGAAACGTTAACATTCCCTAGAAAAAGCCTGGGAAA
 CTTGATGAAGTCTGCTCGAACGCATGTCTGGATGCCATGAAATCCTCATCACCCCTC GCAAGAAG
 CTCATTAAGGATGGTGTGACACAGCTTACGGCACCTGGATGCTCAAGCATCCATCAGCACTCAAC
 TCATTTGAGGAAATTGCAAAATTTTGCCAAAAACAAAAAGATAGCAATGTTTCTAGACTACGATGGT
 ACTCTCTCTCCAATAGTAGATGACCCAGATAATGCCCTTATGTCTGATGATATGCGTTTTGCAGTA
 AGAAACTTCGCAAAATATTTCCCAACGGCGATTATTAGTGGAAGAAGTCGTGACAAGGTTTATCAG
 CTTGTAGGACTAACAGAATTGTATTATGCTGGTAGTCATGGGATGGACATCTTGGGCCCTGTACGA
 AAAGCGGTGTCCAATGACCATCCAACTGTAATGAATCACTACTGACCAACAGGGCAAGGAGGTG
 AATCTGTTTCAGCCTGCTAGAGAATTTATACCTCTGATCGATGAGGTTTTTAGAACCTTGTTCGAG
 GATACTAAGGGGATCAAAGGTGCAAAAGTTGAGAATCATAAATTTTGGCTCTCTGTACATTTCCGT
 AATGTAGATGAGAAGAACTGGCAATCTATTGCACAATGTGTTTCAAGGATATTTTAGATAAGTATCCT
 CGTTTGCGAAAACTCATGGACGGAAGGTTTTAGAGGTCCGTCCAATGATTGACTGGAATAAAGGA
 AAAGCAGTTGAATTTTTGCTTGAATCTCTAGGTCTAAGTAATAGAGATGATGACTCCCAATTTAT
 ATTGGTGTGATCTGACAGATGAAGATGCATTCAAGGTGCTCCGGGAGGGGAATCGAGGCTGTGGA
 ATTTTGGTGTATCTAGACCCAAAGAAACCAATGCAGTTTACTCTCTCAGAGATCCATCGGAGGTG
 ATGAAATTTCTCAATTCCTGGTGACATGGAAGAAGGTGGATGCATCCTGAATAATAGGAGGAACA
 TCTGATGACATGCAGAGATAATTTAGAAATTTGATTTTGAATATTTTATAGATATTTTGCAAAAT

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 36, proteína – Populus trichocarpa

MDIESNHSSPVLTDPAPINKSRLGIHSNLLSYAPSGGSLSSSKYRNVNI PRKKPGKLDEVCSNACL
DAMKSSSPRKKLIKDGADTAYGTWMLKHPSALNSFEEIANFAKNKKIAMFLDYDGTLSPIVDDPD
NALMSDDMRFAVRNFAKYFPTAIISGRSRDKVYQLVGLTELYYAGSHGMDILGPVRKAVSNDHPNC
NESTTDQOGKEVNLFPAREFIPLIDEVFRTLVEDTKGIKGAIVENHKFCVSVHFRNVDEKNWQSI
AQCVDILDKYPRLRKTHGRKVLEVRPMDWNKGKAVEFLLESGLSNRDDVLPYIGDDLTDADA
FKVLREGNRGCGILVSSRPKETNAVYSLRDPSEVMKFLNSLVTWKKVDAS

SEC ID N°: 37, ADN – Populus trichocarpa

AACAACCTCTGCTGCAAGTAATTTGGCTACGATGGATGTCTGAGTCAAATCATTCTTCTCCTGTTCTC
GCTGACCCTGCATCGATAAACAGTTCAAGGCTCGGTATCTATTCTAATCTGTTGCCTTACTCACCA
CCAGGAGGATCACTCTCCTCTAGCAAGTATAGTAGGAAAAAGCCAGGGAAGCTTGACGAAGTCTGC
TCGAGTGGATGGCTGGATGCCATGAAATCTTCATCACCCCTCGGAAGAAGCTCTTTAAGGATGGT
TCTGACACCGCTTACAGTTCTTGGATGTTCAAGCATCCATCAGCACTCAATTCATTTGAGGAAATT
GCAAATTTTGTCTAAAAACAAGAAGATAGCAATGTTTCTAGACTATGATGGGACTCTTCTCCAATT
GTAGATGACCCGGATAATGCGTTTATGTCTGATGATATGCGTTCTATTGTAAAAACGTTGCGAAG
TATTTCCCAACGGCGATTATTAGTGAAGAAGTCGTGACAAGGTTTATCAGCTGGTAGGACTAACA
GAACATATATTATGCTGGTAGTCATGGGATGGACATTTTGGGCCCTGTAGGAAAAGCTTCAATGTCC
AATGATCATCCAACTATAGTGAATCTACTACTGACCAACAGGGCAAGGAGGTGAATCTGTTCCAG
CCTGCTAGAGAATTTATACCTATGATCGATGAGGTTTTTAGAACCTTGTCGAGAATACTAAGGGA
ATCGAGGGTGCAAAAGTCGAGAATCACAAATTTTGTGCCTCTGTGCATTTCCGAAATGTAGATGAG
GAGAACTGGCAACCTATTGCACAATGTGTTTCAGGATATTCTAGATAAGTACCCTCGTTTGGCGAGA
ACTCATGGACGGAAGGTTTTAGAGGTCCGTCCAATGATTGACTGGAATAAAGGGAAGGCAGTTGAA
TTCTGCTTGAATCTCTAGGGCTAAGTAACAGAGACGACGTGCTCTCAATTTATATCGGCGATGAT
CTGTCAGATGAGGATGCGTTCAAGGTGCTCCGGGAGGGGAATCGAGGTTATGGAATTCTCGTATCA
TCTAGACCCAAAGAAACCAGTGCAGTTTACTCTCTCAAAGATCCAATTGAGGTGATGAAATTTCTT
AACTCCTTGGTGACATGGAAGAAGGTAGAAGAAGGTGGATGCATCCTGAATAACAGGAGGACTATC
TGATGACATGCATATAGCTTAGGTTTTTGATTTTCGAGCATTTTAATTATTGATATTACATAATAAA
GAGGCTGTTGGTACAGC

SEC ID N°: 38, proteína – Populus trichocarpa

MDVESNHSSPVLDAPASINSSRLGIYSNLLPYSPPGGSLSSSKYSRKKPGKLDEVCSGWLDMAMKS
SSPFRKKLFKDGSDTAYSSWMFKHPSALNSFEEIANFAKNKKIAMFLDYDGTLSPIVDDPDNAFMS
DDMRISIVKNVAKYFPTAIISGRSRDKVYQLVGLTELYYAGSHGMDILGPVGKASMSNDHPNYSEST
TDQOGKEVNLFPAREFI PMIDEVFRTLVENTKGIEGAKVENHKFCASVHFRNVDEENWQPIAQC
VDILDKYPRLRTHGRKVLEVRPMDWNKGKAVEFLLESGLSNRDDVLSIYIGDDLSDADAFKVL
REGNRGYGILVSSRPKETSAVYSLKDPIEVMKFLNSLVTWKKVEEGGCI LNNRRTI

SEC ID N°: 39, ADN – Populus trichocarpa

GGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTAGAGGAAAGATGACAAACCAAATGTGGTAGTGGCTGATACAAAC
TCTGGAATCAACTGGCAATCACAGTGCATGTAACAAATTCCTCTATCTTCACCACGGCCGCGCAG
AAGCCTCCGGCGGCTCCTGGTGGTTACATCTCTATTTCCAGAAAGAACTTTTAAAGAATCTTGAA
ATCAGTGGAGGAGCAAGATTTAATGCTTGGGTTAATTCCATGAGAACCTCTTCTCTACTCATGTC
AAGTCCACACCTTCTGCTAATGACGACCAAAGCTCATGGATTCTTCACCACCCATCAGCACTGGAG
ATGTTTGAGCAGATAATTGATGCCTCCAAAGGAAAGCAAATAGTTATGTTCTTGGACTATGATGGC
ACACTTTCTCTATCGTTGATGACCCAGATAGAGCTTTCATGTCCAAGAAGGTTGATGAGAGCAAC
AGTGAGAAAGCTTGCAGAGATTTTTTCTACTGCAATAGTGAGTGGGAGATGCAGAGACAAGCAGAA
CTGTACTATGCTGGAAGCCATGGCATGGACATCAAAGGACCAGCCAAAGGCAGCAAATACAAGAAA

Figura 8 (continuación)

GGCAGTGAAGGTGTTGTTTTCAAGCTGGCAGTGAGTTTCTTCCAATGATAGATGAGGTTTACAAA
GAACTGGTAGAGAAAACTAAAACAACTCCAGGGGCCAAGGTGGAAAAATAACAAATTCTGTCTCTCT
GTGCACTATCGCTGCGTTGATGAGAAGAAATGGAGTGGACTGGCTCAAGTAGTTAAGTCAGTGTTG
AAGGAGTACCCAAAGCTTCGACTTACTCAAGGAAGAAAGGTTTTAGAAATCCGCCCTACCATTTAA
TGGGACAAAGGAAAGGCTCTTGAATTTTTGTTAGAGTCTCTTGGATTTCGCCAATTGTACTGATGTT
TTTCTGTGTTTACATTGGAGATGATAGAACAGACGAGGATGCATTTAAGGTGCTGAGAGAGAGAGGA
CAAGGTTTTGGTATCTTGGTCTCTAAATTTCCCAAGGACACTAGTGCATCTTATTCCTTACAAGAA
CCCACCCAGGCAAGTAGTATCCAATACATGCATAATTGCTGTTCATGGATTTTTTGTCAACGTTTGGT
GCAGTGGAAACGGCTAGCCTTTCAAGGGCAGTCAAGGGTTTAAGATGGAGTAGGAAAATCGAAACA
GTATATATATATATATACCCACCCCTTCAAGAAATGTAATTAAGGGTGGGATCGATGTTAGACCAC
GTAATTTCTTGTTCAGGTTAAAAAATATGAACAAGAAAATAGGAAGGGAAAA

SEC ID N°: 40, proteína – Populus trichocarpa

MTNQNVVVADTNSGINLAITVHVTNSSIFTTAAQKPAPPGYISISRKLLKNLEISGGARFNAW
VNSMRTSSPTHVKSTPSANDDQSSWILHHPSALEMFEQIIDASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPD
RAFMSKKVDESNSEKACEIFSVCNSEWEMQORQAEIYYAGSHGMDIKGPAKGSKYKKGSEGVVFQAG
SEFLPMIDEVYKELVEKTKTTPGAKVENNKFCLSVHYRCVDEKKWSGLAQVVKSVLKEYPKLRLTQ
GRKVL EIRPTIKWDKGKALEFLLES LGFANCTDVFVPYIGDDRTDEDAFKVLRERGGQFGILVSKF
PKDTSASYSLQEP TQASSIQYMHNCCHGFFATFGAVETASLSRAVKGLRWSRKIETVYIYIYPPLQ
EM

SEC ID N°: 41, ADN – Populus trichocarpa

ATAAAAAATACTCTTACGAATCTGAATCCGATGGACCTCAAATCAAATCATAATGCTCCTGTGCTC
ACTGATTCTGCTCCCCTAAGCAAGTCAAGGCTACGCGGGTACCACCATGGTTTGATGCTGCCGTAC
TCACCCCTCAGGTGCACCTTTCTCGTCAAATCTATTACTATCTATTCCCTAGGAGGAAAACTGGAGTG
CTTGATGATGTTTCGCTCCTGTGGTTGGCTGGATGCCATGAAATCATCATCTCCTACTCATAAGAAG
TTTGCCAAGGATATTAACCATGAGCTTTCCGCACCTGATCCAGAAGTTGCCTATCGCACCTGGCTG
CTTAAATATCCATCTGCGCTTGCATCTTTGAGCAAATTGCAAACCTTTGCAAAAGGCAAGAGAATC
GCCTTATTTCTGGATTATGATGGTACTCTTTCACCAATTGTTGAAAATCCTGACAATGCCTTCATG
TCTGCTGATATGCGTTCCATTGTAAAGGAAGTGGCAAAATATTTCCCAACAGCAATAATCAGTGGA
AGAAGCCGTGACAAGGTGTATGAGTTTGTAGGGCTTACAGAAGTCTACTATGCGGGTAGTCATGGT
ATGGATATCATGGGCCCTGTCAGGCAATCTGTATCTGACGACCACCGAAATTGTATCAAGTCTACG
GACAAGCAGGGCAACGAAGTTAACTTATTCAGCCTGCAAGAGAATTTTACCTATGATTGACGAG
GTTTATAGTTCCCTTGTCAGGATTACCGAAGATATTAAGGGGCAACAGTTGAGAACAAATAAATTC
TGTGCTCTGTACATTACCGTAACGTTGATCAAGATAACTGGAAATCAGTTGGGGAGCGTGTCCAG
GATGTCATAAAGAAGTATCCTCGCCTGCGATTGACTCATGGGAGGAAGGTTTTAGAAATCCGTCCC
GCGATCAATTGGGACAAGGGGAAAGCTCTTGAATTTCTACTTGAATCACTAGATCTCAGCAATTGT
GATGATGTGCTGCCGATTTATGTTGGAGATGACCGGACAGATGAAGATGCATTTAAGGTTTTGAGA
GAGAGGAAGTGTGGTTATGGCATTGTTGTATCAAAATCACCGAAGGAAAGCAATGCGTATTACTCT
CTCAGAGACCCAGCAGAGGTCATGGAGTTTCTCAAGTCCCTGGTGACATGGAAGAAATCGAGTGCT
TTATAAATGTTACAAGGAATTACATAAAGAGGAGAATACTATAACATACACAGACAACATGAAAGG
CATTTTATATTCTTAAGTTC

SEC ID N°: 42, proteína – Populus trichocarpa

MDLKSNNHAPVLTDSAPLSKSRRLRGYHHGLMLPYSPSGAPFSSNLLLSIPRRKTGVLDVDRSCGWL
DAMKSSSPTHKKFAKDINHELAPDPEVAYRTWLLKYPSALASFEQIANFAKGKRIALFLDYDGTLS
SPIVENPDNAFMSADMRSIVKEVAKYFPTAIISGRSRDKVYEFVGLTELYYAGSHGMDIMGPVRS
VSDDHRNCIKSTDKQNEVNLFQAPAREFLPMIDEVYSSLRITEDIKGATVENNKFCVSVHYRNVD
QDNWKSVERVQDVIIKKYPRLRLTHGRKVL EIRPAINWDKGKALEFLLES LDLSNCDDVLP IYVGD
DRTDEDAFKVLRERNCGYGI FVSKSPKESNAYYSLRDPAEVMEFLKSLVTWKSSAL

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 43, ADN – *Populus trichocarpa*

TATCTTACGAATCTGGATCATCTGGATCCGATGGACCTCAAATCAAATCACAGTGCTCCTGTGCTC
 ACTGATTCTGCACCCCTAGGCAAGTCAAGACTAGGTGGGCATCATGGTTTGTTCCTATGCTCACC
 TCAGGCGGTGCAGCTTTTTTCGCCGAATCTATGGTTATCTATTCTTAAGAAGAAAAGTGGAGTTCTT
 GATGATGTTTCGCTCCATTGGTTGGCTGGACGCAATGAAATCATCATCTCCTCCTCACAAGAAGTTT
 AACAAAGGATATTAACATGGAGCTTTCTCCTCGCCTGATCCGGAAGCTGCCTACCGCACTTGGCTTCTT
 AAATATCCATCTGCTCTTGATCTTTTTGAGCAAATTGCAAACCTTTGCAAAAGGCAAGAGAATCGCC
 TTGTTCTCCTGGATTATGATGGTACTCTATCGCCGATTGTAGAAAATCCCGACAATGCCCTCATGTCT
 GATGTTATGCGTTCTGCTGTAAAGAAAGTGGCAAAATATTTCCCCACAGCAATAATTAGTGGAAGA
 AGCCGTGACAAGGTATACGAGTTTGTAGGACTCACAGAACTCTATTATGCGGGTAGCCATGGAATG
 GATATTGTGGGCCCTGTTAGGCACTCCACATCTGATGATCACCCTAAATTGTATCGAGTCTACGGAC
 ATGCAGGGAAATGAAGTTAATTTATTCAGCCAGCTAGAGAATTTTTTACCTATGATCGACGAGGTT
 TTTAGCTCCCTTCTCAAGAGTACCGAAGAAATTAAGGTGCAACAGTTGAGAACAATAAATTCTGT
 GTCTCTGTACATTACCGAAATGTTGATGAAGATAAATGGAAGCAGTTTGGGAGTGTGTCTGAAGAT
 GTCATTAAGAAGTACCTTCGCTGCGATTGACTTTTGGGAGGAAGGTTTTAGAAATTCGTCCCACG
 ATCAATTGGGACAAGGGGAAAGCTCTTGTGTTTCTACTGAATCACTAGGTCTCAGCAATTGTGAT
 GATGTGCTCCCTATTTATGTTGGAGATGACCGGACAGATGAAGATGCATTTAAGATTTGAGAGAG
 AGGAAGTGTGGTTATGGGATTCTGGTATCAAAATCACCCAAGGAAAGCAATGCATATTACTCTCTC
 AGGGACCCATCCGAGGTGATGGAGTTTCTCAAGTCCCTTGTGATGTGGAAGAAGTCGAGTGCTCAA
 TAAATGCTACAAGGAATACACAAGGAAGAGGAGAATACTCTAATATACACATACAACATGAAAGAC
 TTTATATGTTTTTTTTCT

SEC ID Nº: 44, proteína – *Populus trichocarpa*

MDLKSNSHAPVLTDSAPLGKSRLGGHHGLFPCSPSGGAAFSPNLWLSIPKKKTGVLDVRSIGWLD
 AMKSSSPPHKKFNKDINMELSSPDPEAAAYRTWLLKYPSALASFEQIANFAKGKRIALFLDYDGTLS
 PIVENPDNALMSDVMRSVAVKKVAKYFPTAIISGRSRDKVYEFVGLTELYYAGSHGMDIVGPVRHST
 SDDHPNCIESTDMQNEVNLFPAREFLPMIDEVFSSLLKSTEEIKGATVENNKFVSVHYRNVDE
 DKWKAVWECVEDVIKKYPRRLRTFGRKVLIRPTINWDKGKALVFLLESGLSNCDVLPPIYVGDD
 RTDEDAFKILRERNCGYGILVSKSPKESNAYYSLRDPSEVMEFLKSLVMWKKSSAQ

SEC ID Nº: 45, ADN – *Oryza sativa*

AGCACTCCATCTTCTCCATCTGCGTATTTTCCAACACATCTCTCTTGCAGTTCGTTTCAAGTCTT
 TCATTAAGTAAACTTTCTGAACATTTGAAGTGCAACGGAGCTGGCGTTTATGGCTTTTCCTATG
 AAGCAATCCACATCTCTGATATAGATGTGTACTCGTTCTGAACATGACAAGTTCTCAGGTATTTCT
 CTGTTGATGAACTGCCTCCACACCTGCAGTGACAAGAAGACACTGAAGAAGTGGTTTTTCATCGAC
 AAGACAGTTGGCTAAATTCAGCAGTGCCTCGTCTTAAAGCGATCGATCATACTTCTTTCTTGAT
 CTCATCATCCTAAATTTTCCCAAATGGATTTGAGCAATAGCTCACCTGTCATCACCGATCCGGTGG
 CGATCAGCCAGCAGTTGTTGGGCGGCCTGCCTTCAAATCTGATGCAGTTTTCAGTCATGCCCGGTG
 GCTACTCCAGCTCTGGCATGAACGTTGGTGTGAGTAGGCTCAAATCGAGGAAGTCTTGTCAATG
 GACTGCTTGATGCCATGAAATCCTCGTCACCTCGCAGGAGGCTGAATGTAGCATTTGGCGAGGACA
 ATTCATCTGAAGAAGAAGACCCTGCTTACAGCGCTTGATGGCAAAATGTCCTTCTGCTTTGGCTT
 CCTTCAAGCAAATTGTAGCCAGTGACAAAGGGAAGAAGATTGCTGTGTTTCTAGACTATGACGGCA
 CACTGTGCGCTATTGTGGATGATCCTGACAAAGCAGTGATGTCTCCCGTGATGAGAGCTGCTGTGA
 GAAATGTTGCGAAGTACTTCCCCACTGCAATTGTCAGCGGAAGGTCCCGCAATAAGGTGTTTGAAT
 TTGTAAAACTGAAGGAGCTTTATTATGCTGGAAGCCATGGTATGGACATAATGGCACCTTCAGCAA
 ATCATGAGCACAGTGCTGAAAAGAGCAAACAGGCCAATCTCTTCCAACCTGCACACGACTTTCTGC
 CAATGATCGATGAGGTTACCAAGTCCCTCTTGCAAGTTGTGAGTGGAATTGAAGGTGCAACTGTTG
 AGAACAACAAATTCTGCGTTTCTGTACATTATCGCAACGTTGCAGAGAAGGATTGGAAACTGGTCG

Figura 8 (continuación)

CACGGCTCGTAAACGAAGTGCTGGAGGCTTTTCCTCGTCTCAAAGTAACCAATGGACGAATGGTTT
TAGAGGTTTCGTCCGGTGATCGACTGGGACAAGGGAAGGCTGTGGAGTTTCTGCTCCAGTCACTCG
GGCTAAATGACTCTGAAAATGTGATCCCCATCTACATTGGAGACGACAGAAGTACGAAGACGCTT
TCAAGGTACTTCGACAGCGAAATTGCGGTTATGGAATACTAGTTTCACAGGTTCCCAAGGAACTG
AAGCCTTCTACTCGCTGAGAGATCCATCTGAAGTGATGGAGTTCCTCAATTTCTTGGTGAGATGGA
AGAAGCACTCAGTGTGAAAAAAGAAGACAGTCTGAGCAGGTTTTACTAATACTACTCCGGCAGAA
ATAACTGTAGTTTCCGAGGCGACAATTTTGAAGCATTGGACGCTGTAGATAGATGTAATAACTCTC
TAGATATGTGGTTCCAATTCATTCTTATTGATCGATGTTATTGTATTGTTTCATGTTCTCCACCGCT
GAGAAAAATTAATCAGTGATGGTTGATCCGGTCTCTTGCCATTGTAAGTTGTAAGCAAGAAGGCC
TCTTCTTAGTATCCATGCTGATGAACGAAATTAAACCTTCATTTTTCGTGT

SEC ID Nº: 46, proteína – Oryza sativa

MDLSNSSPVITDPVAISQQLLGLPSNLMQFSVMPGGYSSSGMNVGVSRLKIEEVLVNLGLLDAMKS
SSPRRLNVAFGEDNSSEEDPAYSAWMAKCPALASFKQIVASAQKKIAVFLDYDGTLSPIVDD
PDKAVMSPVMRAAVRNVAKYFPTAIVSGRSRNKVFVFKLKLKELYAGSHGMDIMAPSANHEHSAEK
SKQANLFQPAHDFLPMIDEVTKSLLQVVSGIEGATVENNKFCVSVHYRNVAEKDWKLVARLVNEVL
EAFPRCLKVTNGRMVLEVRVIDWDKGKAVEFLQSLGLNDSENVIPYIGDDRTDEDAFKVLRQRN
CGYGILVSQVPKETEAFYSLRDPSEVMEFLNFLVRWKKHSV

SEC ID Nº: 47, ADN – Oryza sativa

CTCTCAAACCTCTCGGAGAAGCGAGCACACACACTCACTCCCTGTCTCCTCCTCCTCCTCCTCCTT
GAGGCTGTTCTGCTCGACGAGTGCTTGGCTTTGTGTTTGTGGTGTGTGATCATGACGAACCAGGAC
GTGGTGGTTTCTGAGATGGGCATCGCGGCAGGCGCGGCGCTGCCGGGAGGACCGGCCGGCCGGCG
GGCGGCCTCTTCGCGTGCCGCGAGCGCGGCCGCGCTCGATGAGGCAGACGTACCTCGACCTCGCCGCG
GCGGCGGTGGCGGCGCGCTCCGCGAGCTGCACCAGCTGGGCCGACGCCATGCGCGCCTCCTCCCCC
ACCCGCTCGTCCCGCTCCGCCTCCGACGTCGACGAGTTCACCGCTGGGTGAGGAAGCACCCGTCG
GCGCTTAGCAAGTTCGAGGAGATCGCCGCCAAGTCCAGGGGAAGAAGATCGTAATGTTTCATGGAC
TACGACGGCACGCTCTCTCCCATCGTCGCCGACCCCGACACGGCCTACATGAGCGACGCGATGAGG
GCGGCGGTGCGCGAAGTCGCCAAGACCTTCCCGACGGCGATCGTCAGCGGGCGGTGCCGCGACAAG
GTTGCGCAACTTCGTGCGCCTCTCCGACCTCTACTACGCCGGCAGCCATGGCATGGACATCAAGGGA
CCAAGCTCCAACCCGGAGTCTGCCCTTTGCCAGCCAGCAAGCGAGTTCCTCCCCATGATCGACGAG
GTGTACAAGACGCTGGTGGAAAAGACGAAATCTACACCTGGAGCCAAGGTGGAGAACAACAAGTTC
TGCCTGTCCGTCCACTTCAGATGTGTAGATGAAAAGAGATGGAATGCTTTGGGGGAGCAGGTCAAG
GCCGTGATCAAGGAATACCCAAAGTTGAAGCTTACCCAAGGAAGGAAGGTTTTGGAGATCAGGCCG
AGCATTGAGTGGGACAAGGGCAAGGCTCTGGAGTTCTTGCTTGAATCGCTGGGATTCGCCAACTGC
GGCGACGTCATGCCGGTGTACATCGGTGACGACCGCACCGACGAGGACGCCTTCAAGGTGTTGAGA
AAGAGAGGTCAGGGCCTGGGAATCCTAGTCTCCAAGTGCCCCAAGGACACCAACGCCTCCTACTCT
CTCCAGGACCCAACAGAGGTGATGGAGTTCTTGCTCAGGCTGGTGGAGTGGAAGCGGAAGTCGTG
TCGTGCTCGTTGATGATTCGTCCGAGAGGTGTAGCGGCGACACGGTGTAGAGGCCGTAAGAACTGA
AACTAAGATGGTCAATCATGCGAACATGCGAACATACCCCACCAACACCACGTACTACCCCCATTT
TTTTCCGATGATTTCTGTGTTTGGCCTCTGCGACGGACTCGTGGTGGTTACACGCTAGCTGTTCTGA
TTCCGTCCCCTGTGCCGCCGAGGAAAAGGAGACCACC

SEC ID Nº: 48, proteína – Oryza sativa

MTNQDVVSEMGIAGAALPGGPAGPAGGLFACRSAAASMRQTYLDLAAAABAARSASCTSWADAM
RASSPTRSSRSASDVDEFTAWVRKHPSALSKEEIAAKSRGKKIVMFMDYDGTLSPIVADPDTAYM
SDAMRAAVREVAKTFPTAIVSGRCRDKVRNFVGLSDLYYAGSHGMDIKGPSSNPESALCQPASEFL
PMIDEVYKTLVEKTKSTPGAKVENNKFLSVHFRVDEKRWNALGEQVKAVIKEYPKLKLTOGRKV
LEIRPSIEWDKGKALEFLLESGLFANCGDMPVYIGDDRTDEDAFKVLRKRQGLGILVSKCPKDT
NASYSLQDPTEVMEFLRLVWKRKSSSSSLMIRPRV

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 49, ADN – Oryza sativa

[illegible]

SEC ID N°: 50, proteína – Oryza sativa

MTKHGAVVVPVAAAAADAEHDEWMEKHPSALGKFEALAAAAGKRIVVFLDYDGTLSPIVEDPDRA
VMTDEMRAVRGVAARFPTAIVSGRCRDVLSFVGGLEELYAGSHGMDIQGPTNAAASKGGEEEE
SVLCQPAREFLPMIGEAYAALVEKVEGVI PGAKVENNKFCLSVHFRRVDERRWGAVADQVRAVLRG
YPRRLRTQGRKVLEVRPAIKWDKGEALRFLLSALGFSAGDVEDDGDGDDDAFPFIYIGDDRTDEDAF
RVLRAARGHGAGILVSRFPKDTCASESLRDPGEVKDFLRKLVTCAA

SEC ID N°: 51, ADN – Oryza sativa

ATGACGAACCAGGACGTGGTGTATGCCGGACATCGCGGCGGCCGCGGCCATGCCGGGGTTCATCCGGC
CGCGCGCCGCTCTTCGCGTGCCGTGGCGCCGCGGCCGTGTGCGCGTCTCTCCATGCTCGGCGGCGGC
GGCGCGGCGTACCAGGCCGCGGTGGTGGCGCACGTGGCGCCGGTGCCAGCTATCAGGCCGTGCGCC
AGCTGGGTGCTCGAGGCCATGCGCGCGTCTGTGCGCGACACGGCCCCGCCGCCGCGCGGTTCGACGCC
GAGTACGACGCGTGGACGCAGAGGAAGCACCCGTGCGCGCTGGGCAGCTTCGAGCAGGTGGCCGCG
GCGGCGAGCGGAAGCGCGTCTGTGTTCCCTCGACTACGACGGCACCCCTCTCCCCCATCGTCGCC
GACCCCGACATGGCCTTCATGTCCGACGAGATGAGGGCGGCCGTGCGCGACGTGGCGGAGCACTTC
CCGGCGGCGATCGTGACCGGGCGCTGCGTCGACAAGGTGCAGAGCTTCGTGCGCCTCCCGGAGCTC
TACTACGCCGGCAGCCATGGCATGGACATCAAGGGCCCCAGCTCCAACGAGGAAGAAGACACCAAG
ATCCTCTTGCAGCCAGCTCGCGAGTTCTTCCCGGTGATCAACAAGGCTTACAAGGCTTTGATGGAG
AAGACGAAGAGCACGCCTGGGGCCAGAGTGGAGAACAACAAGTTCTGCCTCTCCGTGCACTTCAGA
TGCCTCGATGAGAAGAGATGGAATCCGTTGGCAGAGCAAGTGAAGGCCGTGCTCCGGGACTACCC
GAGCTCAAACCTACCCCAAGGAAGAAAGGTCCTGGAGATCCGGCCGTGATCATGTGGGACAAGGGC
AAGGCGGTGGAGTTCTTGCTGAAATCTCTCGGATTTCGACGACGACCGCCGCGACGTCCTGCCGGTG
TACATCGGAGACGACCGGACCGACGAAGATGCTTTCAAGGTGTTGAGAAAGAGAGGTCAAGGGTTG

Figura 8 (continuación)

GGAATTCTTGTCTCCAAGTGTGCCAAGGAGACTGACGCCTCGTACTCTCTCCAGGACCCAGCAGAG
 AAGTACACCAACGCCGGGCGCACGTGTTCTGTGACGATGCTCCTGACCGTGGTGTTACGGGCAGCT
 GTGGCGTTGGCTCTTGTCAACGCCGTCAACTCGCATGACTTCGCAGCACACCTCGCCGGCGTGGAC
 TGCCGCATGGGGCTAGCTGGTCCAGTACGATGCCCAGCCTCGGGCTTCGTGGAGCTCCTCGTGCTG
 GCGCTACATGTGATGCGTGCTCGCCATCTTAGATCGCCTGCATGCCTGCCTAATGTGCCCCTCGCT
 ACAGCTTTTCGATTGCATCTCCATGTACGTGCGCCGGTGGCAGCGCGGCGAAGTGACCAATGTACAT
 GAAGTATACGTGCTAAGTAGGATCGAATTTGTTTCCTTATATGGCAAGCACCGGTGAACAAAGAAGT
 ACTGGCGAGACGGCCGTGGGCGCCGCCGCCGGAATGTATCGGATGGTGCCCTTGACGCGGGCA
 AAATGGGGAGACAAATGGAGAATGAGTGGGGAAAGAATGGCCGCCGGAGTAGACTGCCGGCGGGCGC
 GAGGATTTGCCGAGCAGTGGAGATGGCTACCGTCAGGAGGAGATCGACGGTGGTCATGGAGTTTCCT
 TGTTTCGATTGGTGCAGTGGGAAGCTTCGGCGATCATCGTCAGCGATGCGCCCGAGGGTTTAATTAGT
 AACTGACGACGGATCATATATACTATATGACAGTCTTCCCTGCTAAGCTAGCTCTGACTTCTGAA
 GAAGTTTGA

SEC ID Nº: 52, proteína – *Oryza sativa*

MTNQDVVMPDIAAAAAMPGSSGRAPLFACRGAAAVSASSMLGGGGAAYQAAVVAVHVPVPAIRPCA
 SWVVEAMRASSPTRPAAAAVDAEYDAWTQRKHPSALGSFEQVAAAASGKRVVFLDYDGTLSPIVA
 DPFMAFMSDEMRAAVRDVAEHFPAAIIVTGRCVDKVQSFVGLPELYYAGSHGMDIKGPSNEEEDTK
 ILLQPAREFLPVINKAYKALMEKTKSTPGARVENNKFCLSVHFRCVDEKRWNPALAEQVKAVLRDYP
 ELKLTQGRKVL EIRPSIMWDKGKAVEFLKSLGFDDRRDVL PVYIGDDRTDEDAFKVLRKRQGL
 GILVSKCAKETDASYSLQDPAEKYTNAGAHVFVTMLLTVVFTAVALALVNAVNSHDFAAHLAGVD
 CRMGLAGPVRCPASGFVELLV LALHVMRARHLRSPACL PNVALATAFDCISMYVRRWQRGEVTNVH
 EVYVLSRIEFVPYMASTGEQRSTGETAVGAAAAGMYRMVPLHAAKWGDKWRMSGERMAAGVDCRRR
 EDLPSSGDGYRQEEIDGGHGVPCSIGAVEASAIIVSDAPEGLISTLTDDHIYYMTVFPKALALTSE
 EV

SEC ID Nº: 53, ADN – *Oryza sativa*

GGTTGATCGAGGTGAGCGTTTCCTGACCTACTTGCTCGGATTAATTACAAATTGATTTGATCACGT
 AGATAATTACATCATCATCATATTGATGGATGGATGCTTGACATATATGCATGCGTTTTGAATCT
 GGTGATGTAATGATATCCAATTAATAATCTTGCTGCAACACGAAAGCTCAGCCAGTTTAATTGATT
 TGATTTAGTTAATGCCATCGATCTCAGGCTTGATTATCGATTGGCTGTTGAATGCACGGATTAATC
 AAATAGGTTGAAGGCACGCAATGCAAAATTCCAAATTGATTGTGGACCTCTTCGGTTTCTCCTTGT
 ATAAGACCTTGAATTTAGAAATTATTAGTGAGCTATCGAAAGTTTTTCAGTGGCATCACATATTATC
 TGCTTACTTGGAACATATAGAAAAATAGAATTATTAATTAATAAATTAATTGTATTGAGCATTATA
 CTTCTTAGTCTGAGAGTATATAGCATTGGGCATAAAGTTAGTATTAACATTACCATGTAACATA
 GCTTCTTAGTAAAGGTACAAATTAAGGACTGAAGAGAACTCCAGACTTTTAATCTCAAACGTAA
 GGCAAGTAATACATTTTCAGCCCTTCATTTAGTTTCCTGGAGGATCAAATTCAAATGTTGCGACG
 GATGAAGACGCACGAAATTTGATGCTTTTATCGCACGTTTCATGTAGTATTTGGTCAATCGATCTCT
 GCATCATGCCTTGACCAAGATGCATATTTAGTTTGATGATCTCTGTTGCTTCCAATTGCACTCCAT
 TAATTGTTTGAACATAATAGTCGTTTTGCTTCATGTAATCGAATGCTTCCTGCGTTTCGATTGGTGAG
 AGAAGTGCACTCCAATGCTGTACCAACAGTACTCTTGGGTTTTCTCTTAGGAGAGCTTTATTTAG
 AGTGAAAGGGACTTCCTAATTAAGATTTCTTTATTTTGAAAGAAGCTAGTAATTAAGATTTCTTAA
 CATATGCACACGTGAAGTTATAAAACATGACTCAAATCTGATGTTGATGTGTGTTGACCAAGTCC
 CTAATCAGTTTTTGCACTTTTTCTTCTGATTTCTCACGCCAACTGATCAATTAAGGCAAGTAGGAT
 TTTAGTTGTGTTCTTTCTTATTTGTTTTCTTTCTTGTGTTTTCTCACCTCCTACCTCC
 TTGGAGACAGTCCACAATTGTGAATTTCAACATTAGAAAAATAATCACAATTTTGTGGAAATGAT
 TGAAAACTAATTAATAGGTTGCATTTACATGAACATAGTTAATTAGAGAACAAAATGCATACAC
 TAGGTGTTAGAGCAGTACAAAAGTTATAGAAGATGTCACTGCTTACTGCATGAGTATCTTTCTTCA

Figura 8 (continuación)

CAATCCCATTCCATCATAAATATTGCCTAAACAATTCCACTCAACCTTGTTGCTTGTTCAACTTTA
 ATTCTTTCATAACTTGATATGAAGGTCAGGACAATTACTGTAGACTAGTTTCTTCATGGTTGCACG
 CTGAATAATCGTACACAGATGCCCTTGCTGTCTCTGAATTCTCAAACACTGAACATATATTGTAGA
 ACATTTTACACCTATTCCCTGTCTGATCTCTTGCTGTGTGTGTACGGAGCATGCTGCCGTTCTTCCC
 AAGACTTTGTGTCTCAATTGGTTATTTTTGACTTGAAGCGATCCGTTTCGGTAGTCCCTGAGGCAG
 CTAGCGTAAGCCTCTTTTGACTTCCAAGCACACAAGTTACTTGCTGCCTCAGATTTCATCAGCAAGT
 CACTAGTACTTTTCGGTATCTAGATGAAGCATATATATAAACCACAAGAAAAGCGGCTGCCCATT
 GTGTTCTGATCATGAGGAGATTCAGGTGGTTTCTTGAAAGGATGTGAATCTGTGGTTGCAAGATAC
 TGAAGAAAGTAATAAGGTGGTTCTTCAATCTTCATAGGCTTCAGAGTTCAGAGTTGAGTTAATGTT
 TTTGCAAACAAGGTGTCTGCTGACAGTTTGACAGTAAAAAGATCTGTATATATGGGTTCTGCGGT
 AACGGTAGAAGCTCTGAATATGATGATCCTGCATCATTAGAGAAGATGGAGGAAGTGGTTTTACCT
 CTGAAATTGATGCCCTTACACACCAATGGCCGTTGTATGACATGAGGTTGTCTCACCTACTGCT
 ACCTGTGTGATCAATAGTTTCATCTGGTTTCATTCGACCCGATCTACCGAGCTTGACGAAGAAGTAT
 CCTTCAGCTCTAAATGCCCTTTGACCACATTGTTGCCTATGGCAAAGGGAAGAAGATAGCGCTGTTT
 TTGGACTACGACGGTACACTGTCGCCAATTGTCGATGAACCTGACAATGCTATCATGTCTGACCAG
 ATGCGCGAGGTGGTGAGGAATGCTGCCTTGCACTTACCCACTGCGATTATCAGTGGAAAGGTCTCGT
 GATAAGGTGTTTGATTTTGTAAACTAACAGAATTGTACTATGCTGGTAGCCATGGAATGGACATC
 ATGGGTCCAGTTGGGGAACATGATTCAGTTACTAACCATAGGAGCTCCATTAACCTCAAATAGAAAG
 CAGGGCAAGGGAGTGAAGATCTTCCAGGCTGGTACTGAATTCTTACCAATGATCAATGAGGTTTTT
 AGATTGCTCATCGATAAGACAAAGGCAATCGACGGTGTGAAAATTGAGAACAACAAGTTCTGTGTA
 TCGGTGCACTACCGCAATGTTGAGGAGAAGAATTGGCAACTTGTTTCTCAATGCACAAATGATGTC
 CTAAGGTCTACCCCTCGCCTCCGATTGACTCATGGACGAAAAGTTTTGGAAATTCGTCCAGTGATA
 GACTGGAACAAGGGGAAGGCTGTGGAGTTCTTGCTGGACTCCCTAGATCTAGCTAGCTGTAAAAAT
 GTTCTCCCTATTTACATCGGGGATGATTGTACCGACGAGGATGCTTTTAAGGTTCTTCGTGACGAT
 AAAAGGGGTTTTCGGGATTCTGGTGTCTGTACCAAAGGATTCTCATGCCCTATATTCTCTGATT
 GATCCATCTGAGGTTATGGAATTCTTGAAAAGACTAGTGATGTGGAAGAACGAAGAAGCATCACAT
 AATAAGTAGATTATAAATATATCTGATGTTTACTCTAGGGTAGATTTCTGAATTCTGACAAAGAGA
 ATAAGCAGAAGGGCAACAGAATTAACCTGGACATAGTGGACAGTTGTACATCATATAGTTAATCCA
 TTTTCTTAGCCTAGCAAGTGGCAAAATAAAAGTAATTGCCATGTTGTACAAGAATGCGAAGCATTC
 TGCACAAGTCCAGTTCTTTGAATAATGGTCTCAGTTGTAGAATGGTGTAACCTTGTTAATGAAGTGT
 GATATAAATTTTTGGGCT

SEC ID Nº: 54, proteína – *Oryza sativa*

MGSCGNRSSEYDDPASLEKMEELVLPLKLMPLHTNGRLYDMRLSSPTATCVINSSSGSFDPIYRA
 WTKKYPSALNAFDHIVAYGKGKKIALFLDYDGLSPIVDEPDNAIMSDQMREVVNRNALHLPTAII
 SGRSRDKVDFDFVKLTLEYAGSHGMDIMGPVGEHDSVTNHRSSINSNRKQGKGVKIFQAGTEFLPM
 INEVFRLIDKTKAIDGVKIENNKFCVSVHYRNVEEKNWQLVSQCTNDVLKVYPRRLRTHGRKVLE
 IRPVIDWNKGKAVEFLDSDLASCKNVLPYIGDDCTDEDAFKVLRDDKRGFGILVSSVPKDSHA
 LYSLIDPSEVMEFLKRLVMWKNEEASHNK

SEC ID Nº: 55, ADN – *Oryza sativa*

ACCTTCCCCTGTCATCTCCTCCTCCTCCACCACCACCTCGCCGTCGCCGTCACCGCGCCACCGTCT
 CCTCGATCTCTCACTCCCACAGCTCGCTGGTTGCTTCGGCTTCCGCTGCTCGGTGCGGTTGATTT
 TGGGGGATGACGAACCACGCCGGCTTCGCCGCGGACGACGCGGTACCGCGGCCGTCGCCGTGACG
 GCGGCGCAGGGCGGGCGGCATTTCGCCGCGTTCCTGGCGCCGTCGTCCAGGCTCACCAGCTGCAAG
 AAGGCGGCGGCGCACGTGGACCTCGCCGGCGCGGGCGGGGTGGCGACGGTGCCCGGATCTTGGCCG
 CGCCACGCCAAGCCCGTCTCCGGCGCCGAGCTCGACGACTGGATGGAGAAGCACCCGTCGGCATTG
 GCATGGTTTCAGTCCGTCGCCGCCGCGGCGAAGGGCAAGGAGATCGTCGTGTTCTTCGACTACGAC

Figura 8 (continuación)

GGCACCTCTCCCCATCGTCGCCGACCCCGACCGCGCCTTCATGTCCGACGAAATGAGAGAGGCG
 GTGAGAGGCGTGGCGAAGCACTTCCCGACGGCGATCGTGAGCGGGAGGTGCATCGACAAGGTGTTT
 GACTTTGTGAAGCTGGAGGAGCTGTACTACGCCGGGAGCCATGGAATGGACATCAGGGGCCCCACC
 GCGGCAGCGTCGGAGTACAACCACAACATGAAGGCAAAGCAGGGTGATGCTGTTACTTTCCAGCCG
 GCCGCCGATTTCTGCCCCGTATCGAGGAGGTGTATCATGTGCTGAAGGAGAGGATGGCGAGTATA
 AGGGGTTCGCTGGTGGAGAACAAAGTTTTGCCTTTCCGTGCACTACCGCTGCGTCGACGAGGCG
 GAATGGGGCGTGCTGGACGGCAAGGTGAGGGCGGTGATAGAGGGCTACCCGGATCTCCGTCTCAGC
 AAGGGGAGAAAGGTGCTGGAGATCCGCCCTGTATCGACTGGGACAAAGGCTCCGCACTCCAGTTC
 CTGCTCAAATCTCTCGTTATGAGGGGCGCAACAATGTTTTCCCGATATACATTGGAGATGACCGC
 ACCGACGAGGATGCTTTCAAGGTGTTGCGCAACATGGGACAGGGCATAGGAATCCTTGTGACCAAG
 GTCCCAAAGGAGACAGCTGCATCCTACACTCTGCGAGAGCCATCCGAGGTGAAGGAGTTCCTGCGC
 AAGTTGGTGAAGATTAAGATCAACGGGGACAAAGGGCTGATTGGCAAGTAGCTGATCCAAGGCATA
 TAGCTAGCTAGCTAGCTTTTTGTTTCTTAATTTGTCTCTTTTCTTTTGGTCCATTAGAAGAAGAAG
 AAGAACAACAACAAGAGTTATATGCATGGATGGTAAGTATGATCATGCATGCATGCATGCGGTGG
 TGAAAACCCGGGCTTTTGGCTTTGAAGGTGTCTATTACCGTATCCTTCTGGCCAAGGTCTGTAAAT
 TAAATTTTGCTGCCGTGACAACAGAAATCTCAGCAAGAGGGACACAAGTGTGGCCCCCTTTTCTTT

SEC ID N°: 56, proteína – *Oryza sativa*

MTNHAGFAADDAVTAAPVPVQAAQGRHFPFLAPSSRLTDCKKAAAHVDLAGAGGVATVPGSWPRH
 AKPVSGAELDDWMEKHPSALAWFESVAAAAKGKEIVVFLDYDGLSPIVADPDRAFMSDEMREAVR
 GVAKHFPTAIVSGRCIDKVFDFVKLEELYAGSHGMDIRGPTAAASEYNHNMKAKQGDVTFQPAA
 DFLPVIEEVYHVLKERMASIRGSLVENNKFCLSVHYRCVDEAEWGVLDGKVRVIEGYPDRLRLSKG
 RKVLEIRPVIDWDKGSALQFLKSLGYEGRNNVFPIYIGDDRTDEDAFKVLRNMQGIGILVTKVP
 KETAASYTLREPSEVKEFLRLVKIKINGDKGLIGK

SEC ID N°: 57, ADN – *Oryza sativa*

ATGGCGAAGGCGAGCGTGGTGGTGCCTGAGCAGGTGGGCGCGGGCGGCGGCGCAGGTGGGGTGC
 CCCTGTCCGGGCACGACGCTGTTCCCGTACCCGCCGCCGCGCGCCGGGATCGCCGTGCGGCGCAAG
 TGCTTGCAGGCGGCGCAGCAGCTGGAGCTCGGCGCCGGGCTGCGCGGCGGCTGGGTGGAGTCCATG
 CGGGCGTCGTCGCCCACCCACGCCAAGGCCGCCGCCGCCCTCGCCGCCGGCGTCGACGAGGAGCAC
 GCCGCCTGGATGGTCCGTTTCCGTTACCGATTGATCGATGTTGTCGCGCTTCTTGGCGCGCGCGC
 GCTGACACTGACATGAACCGTGCATTTCCGTTCTGCTTTTGTGTCAGGCGAGGCACCCGTCGGCGCTG
 GGCGAGTTCGAGAAGGTGGTGGCGGCGTGAAGGGGAAGCAGATCGTCATGTTCCCTCGACTACGAC
 GGCACCCTCTCCCCATCGTCGACGACCCCGACGCCGCTTCATGAGCGAGACGGTGAGCTTGAGC
 TCCCCTCCCCTGTCACCTACTCTGCTCCTCCACTCATCATCTCACACCTCTCTCCTTCCTCAT
 CAGATGCGGATGGCCGTGCGCAGCGTGGCGAAGCACTTCCCGACGGCGATCGTGAGCGGGCGGTGC
 CGCGACAAGGTGTTGAGTTCGTGAAGCTCGCCGAGCTGTACTACGCGGGGAGCCACGGCATGGAC
 ATCAAGGGCCCCGCTCCCGCCACGCCGCCGCCAAGTCTCCTCCCCACAACAAGGGAGTCTCTTC
 CAGCCGGCCAGCGAGTTCCTCCCCATGATCGAGCAGGTGCACCAGCGACTCGAGCAGGCCACCAGC
 TCCATCCCGGGCGCCAAGGTGAGAACAAAGTTCTGCGTCTCCGTCCACTCCGGTGCCTCGAC
 GAGAAGAGTTGGGGGGCGTTGGCGGAGACGGTGAGGAGGGTGGTGAGGGAGTCCCGCGGCTGCGG
 CTGAGCCAGGGGAGGATGGTGTTCGAGGTGCGGCCGACCATCAAGTGGGACAAGGGCAAGGCCCTC
 GAGTTCCTCCTCGACTCGCTCGGTTTCGCCGACTGCAGCGACGTGCTGCCGGTCTACATCGGCGAC
 GACCGCACGGACGAGGACGCGTTCAAGGTTTTGCGGCGGCGTGGGCAGGGCGTGGGGATCCTGGTG
 TCCAAGCACCCCAAGGAGACGAGCGCTCCTTCTCCCTCCAGGAGCCCGCCGAGCTGAAGAAAAGC
 TCAGTGCATACCCACTGCCGGCACACGTAAGCAACAGGCTGAACCGCATATTGGTCAATTGGTGG
 GGTGAAGGACTTAAGGACAAATTGTGTGCTTTGGAGCCAAGCCATGAGAGGGAGGGGTGCATGGCC
 CCCCCTAG

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 58, proteína – *Oryza sativa*

MAKASVVVPEQVGAAAAAQVGCPCPGTTLFPYPPPRAGIAVRRKCLQAAQQLELGAGLRGGWVESM
 RASSPTHAKAAAAALAAGVDEEHAAMVRFSPIDRCSSRSWRARADTDMNRAFPFVVFQARHPSAL
 GEFKVVAAASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDAAFMSSETVSLSSPPLSPTLLLHSSSSHTSLLPH
 QMRMAVRSVAKHFPTAIVSGRCRDKVFVFKLAELYAGSHGMDIKGPASRHAAAKSPPHNKGVLFF
 QPASEFLPMIEQVHQRLAQATSSIPGAKVENNKFCVSVHFRCVDEKSWGALAETVRRVVREFPRLR
 LSQGRMVFEVRPTIKWDKGKALEFLLDSLGFADCSVDLPVYIGDDRTDEDAFKVLRRRGQGVGILV
 SKHPKETSASFSLQEPALKKSSVHYPLPAQRSNRLNRIILVNWGEGLKDKLCALEPSHEREGCPMA
 PH

SEC ID Nº: 59, ADN – *Oryza sativa*

GCTCCGCCATCTTCTCTCCTCTCCCCTCTCACTCCTCCCAAATCCCCTCCATTGCCTTCCTCGCTT
 CGCATCGCCGCTCCCGCCCGCCGCTCGGGCTGCTCGCCGGCATTGGGTGTTGGTGTGACCGTAT
 ACAATTATTGTTTTTGGAGCTGAGCGATCAGATGCATGAGCCTTCCTTTTAAATGATCTGTGTCCA
 CCATGGCGATGAACCAAATGCAGGAACCTCCCGCTTAATGGGCTGGATGCGTTGTATGCACGTTTG
 CAGTGACAAGAAGACATTGAAACGTTGGTTTTTTATTGACAAGAGGGTTGGTTGAGTGTCTAACTC
 TTAAGGAATCCTATAGTCTACTTGCTTGCTCTTGTGTTGTAGTAACTGTTCTTACAACAACCTCTG
 CGGAGAGTTCTGTTGATGGATTTGAAGACAAGCAACTCTCCTGTTATTGCTGATCCTCTCCCTAAA
 TTAGCCTTGCCATCTGCTGTGATGACGTACACTACACCTACGAGTTTCCCCTCTACCGGGCTGTAC
 TTGAACACTCCGAAAAAGAAGCCTCTGCCTGGAAAGATCGAAGAAGTCCGCGCCGCTGGATGGCTT
 GATCTCATGCTGGCCTCCTCGCCACCTCGCAAGAGGCAGACTAAGGACTTTGCCAATGATGTTCAA
 GCTGACGAGCTTGATTTGCTATACCGTAATTGGGTGGTGAACCATCCATCTGCTTTAACATCATT
 GAGGATATTGTTAATCTTGCCAGAGGTAAGAAAGATTGGCACTGTTCCCTTGATTATGATGGAACCTCT
 TCACCGATTGTGGACAATCCTGAAAATGCAGTAATGTCTGACGAGATGCGCTCTGCTGTGAAGCAT
 GTGGCATCACTTTTTCCCCTGCGATCATTAGTGGAAGATCTCGTGATAAGGTTTTTGACTTTGTG
 AAATAACTGAACTGTATTACGCTGGAAGTCATGGAATGGATATCATGGGGCCTGTTAGGAAGTCT
 GATTCGAGTGGTCAGCATGTGGAATGTATCAGGTCCACTGATTCAGAGGGTAAAGAGGTCAACCTC
 TTCCAACCTGCAAGTGAGTTTTTACCTATGATTAGCGAGGTGTACAAAAGCTCAGTGAAAGTATT
 AAGGACATTGATGCTGCAAGGATGGAAGATAACAAATCTGTGTGTCCGTTTACCTACCGCAATGTA
 GCACCACATGACTACGGAGAAGTTCATCAACGTGTGACTGCCGCTCTGAAGAATTACCTTGTCTA
 AGGCTTACCCATGGGAGAAAGGTTCTTGAGGTTTCGACCTGTGATAGACTGGAACAAGGGGAAAAGCT
 GTGGAATTTTTGCTGGAGTCACTTGGACTATGTGGGAAAGAAGATGTTCTTCTATCTATGTTGGA
 GATGACAAGACTGATGAGGATGCATTCAAGGTTCTGAAGGCAAACAGCATTGGCTTTGGAATTTTG
 GTGTCATCTGTGCCCAAGGATACTGATGCTTTCTATTCCGTACGGGACCCAGCTGAGGTGATGGAA
 TTCTTGAAGAACTGGCATCTTGGAAGGAGGAATCCACTTAAGCAGAAGGGAGGAACATAACAGAA
 TCGTTTTTTTGAGGATATGGAGAAGTACCAACTATAAATACGAGCAAAATATACACTGCTAACAAAT
 AAGTCTGGCCAAAATGTTTTTGTATTTGGCATCCTATTATATAAGAGGCTCCCTAAACCACCTTTT
 TTGGTCTCACTTTCATCTTATGTTTCTGGGATTCTGAGACATTTTCATTCTTTTATTAGTTCTGTTT
 CTTTAGTATATATAAAATATATACACATGTATGCTGAAAAATTTTGGTTCCTGTCCCTGTGCTCTT
 AGGCAATTATTATTCTACCGCAAGTTGT

SEC ID Nº: 60, proteína – *Oryza sativa*

MDLKTSNSPVIADPLPKLALPSAVMTYTTPTSFSTGLYLNTPKKKPLPGKIEEVRAAGWLDLMLA
 SSPPRKQTKDFANDVQADELDLLYRNWVVNHPSALTSFEDIVNLARGKRLALFLDYDGTLSPIVD
 NPENAVMSDEMRSVAKHVASLFPTAIISGRSRDKVDFVFKLTELYYAGSHGMDIMGPVRKSDSSGQ
 HVECIRSTDSEGKEVNLFQPASEFLPMISEVYKKLSESIKDIDGARMEDNKFCVSVHYRNVAPHDY
 GEVHQRVTAVLKNYPCLRLTHGRKVLEVRPVIDWNKGKAVEFLLESLGLCGKEDVLPYVGGDDKTD
 EDAFKVLKANSIGFGLVSSVPKDTDAFYSVRDPAEVMEFLKKLASWKEEST

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 61, ADN – Aquilegia spp.

TCTCTCTCTCTCTCTCTCTCGCTCGCTCGCTCTCTCTGTGATTTCTAGGTTTTCTTTTCGCTCTTAT
TGCTTCTAAAGGTTAGTTTTCGATTTTCGTTTTCAACGATTTGAAGATTGGATCAAGTTCTGTGTTG
ATTTCTTCAAAGAAAAGAAACAGAATCGGTTTTCTGAATATTCAGATATCAGACAATATCTTCGTAA
GCTACATATTTCTCCACTTGTTTTGTTTACAAAATGTCTGGTCATCTTCATTAAATGCTGTGTAT
CTTTGGAGATGAAAAGCTTTTCAGGAAGCCTGCACTTGATGGACTGCATGCCCAATAGCAGTGATAA
GAAAACTTTGAAGAGAACTTACAAACCGAAAAAACTTAATCTGGATCCAATGGATATAAAGTCAAA
CCATGCTGCACCTGTTCTCACTGACCCTGTCCCATAACCAAATCAAGATTAGGCATTTCATTCTAG
CTTGTGTCCTTACTCGCCGGGAGCCACGTTTTCTTCTGGCATGTACATAACAATTCCTAGAAGGAA
GGTCATTCCCTAGCAAGCTTGATGACATTCGTTCCAGTGGGTGGCTAGATGCGATGAAATCCTCATC
CCCTCCTCGCAAAAAGCTAACTAAAGATTCCAATATTGAGGTTGCTGCTGATGATAGCCAACCTCGT
TTACCGCTCATGGATGCTCAAGTATCCATCAGCACTTGCTCTTTTGAGCAAATTATGAATTATGC
AAAGGGGAAGAGGATTGCATTGTTTTCTGGATTATGATGGCACACTTTCACCAATCGTAGATGACCC
TGAGCGTGCTTTTATGTCAACTGCTATGCGTTCGCTGTGAAAAATGTCGCAGTGTGTTTCCCCAC
TGCAATAATTAGTGGAAGAAGTCGTGATAAGGTATACGAGTTTGTAGGACTAACAGAACTCTATTA
TGCTGGCAGTCATGGAATGGATATAATGGGACCTGTAAGACAGTCCGATACTGGCGATAACCATTC
AAACTGTATTAGATCTACTGACAAGCAGGGTAAAGAAGTAAATCTTTTCCAACCTGCTAGTGAATT
TTTACCGATGATCGATGAGGTTTTTAGCTCCCTTGTCGAATTTACTAAAGGAATTGAAGGTGCAAA
AGTTGAAAATAACAAGTTTTGTGTCTCTGTACATTACCGCAATGTTGACGAGAAGAATTGGACTAC
AGTTGCACATGGTGTTTCATGGCATCTTGAAGGATTACCCTCGTCTGCGGTTAACTCATGGGAGGAA
GGTTTTAGAGGTTTCGTCCTCGTATTGACTGGGACAAGGGAAAGGCAGTAGAGTTTCTGCTTGATT
ACTTGGATTGAGTGAAAGTGATGACGTGCTCCCATATATGTTGGTGATGACCGGACAGATGAAGA
TGCTTTTAAAGTTTTGAGGGAGAAGAATAGAGGTTATGGCATTTTAGTGTCATCTGTGCCAAAGGA
AAGTAATGCTTTTCTATTCTCTCAAAGATCCATCCGAGGTTATGTCATTTCTCAAATCGTTGGTAAG
ATGGAAGAAGTCCAGAATATAAAGGAAGGAATTAACCAAGTTTAGGTAGAAGTTCTATAGTCTGAAC
TCTGAAGATTCTAACAAATAAATCAAGATGGAGCTGCGCTGTTGAGGTGTTTTCTTGACACTGTGG
AACTGGATGAAATTGTTGGGGTTTTATAAGCTCTCTTACATTTTTGTAAATCCTTTCTGAGGCTCGT
GTTTAGCGATTTTCTTATCTATGAAAGTTAATTTTTTTGTTCTGTGTTGCAATTTGGTCCATTAT
TTTAGGTCTCTGAGGGAAATTTTTACTTAATCTTATAAATATAAGATG

SEC ID N°: 62, proteína – Aquilegia spp.

MLCIFGDEKLSGSLHLMDCMPNSSDKKTLKRTYKPKKLNLDPMDIKSNHAAPVLTDPVPITKSRLG
IHSSLLPYSPGATFSSGMYITIPRRKVI PSKLDDIRSSGWLDAMKSSSPPRKKLT KD SNIEVAADD
SQLVYRSWMLKYPSALASFEQIMNYAKGKRIALFLDYDGTLSPIVDDPERAFMSTAMRSVKNVAV
CFPTAIISGRSRDKVYEFVGLTELYYAGSHGMDIMGPVRQSDTGDNHSNCIRSTDKQGKEVNLFP
ASEFLPMIDEVFSSSLVEFTKGIEGAKVENNKFCVSVHYRNVDEKNWTTVAHGVBHGI LKDYPRRLT
HGRKVLVRPVIDWDKGKAVEFLDSLGLSESDDVLP IYVGDDRTDEDAFKVLREKNRGY GILVSS
VPKESNAFYSLKDPSEVMSFLKSLVRWKKSR I

SEC ID N°: 63, ADN – Aquilegia spp.

CCTTCACTAAGCTTTTCTCAGTTTCTCTCTTTCTTTCTAAACTCTTTCTTTCTCTGTTCTTCTAAT
TATAATCTTTATTTTGTTCTCATTAGTTGTTTTCTTTTAACTGAACTTCAGAGAACTTTTCTTAAT
ATCTCTTCTGTGAATCTTTAGTCTTTCTTGAAGAAAAATCCAATCTTTTTTACAAGTTGTGGTTTG
ATTTGGGGTTTTAGAATCTGAACTAAAAACCTCAAATCTAGTTGAATTTCTGTTTGGGTGGTTAT
TTATAGTACATTTGGTTAAAGATGACTAAGCAAATGTGGTGGTTTCAGATGTAAAATCTGGGTTA
GCAATAACAGTTGCAGTGTGCAATTCGTCTCTGTTTTCTTCTGCTGTGCAGAAACCATTAAACAACA
CCTGGAGGTTATATAACTATATCTCGTAGCAAGCTTTTAAAGAAGCTTGAAGAAACAGGTGGAGTT
ACAGAAGGGAGAATTAATGCTTGGGTGAATCCATGAGAGCATCTTCTCCTACTCGTATTAGACCG

Figura 8 (continuación)

GCAGTTTCTTTGACTCCAAACAGAGATGAAAACATCATGGATGCTCAAACATCCTTCAGCACTTAAT
 ATGTTTGAAGAAATAACAAATGCTTCTAAAGGGAAGCAAATTGTGATGTTCTTAGATTATGATGGT
 ACTCTTTCTCCTATTGTGCGACGATCCAGATCGTGCTTTTCATGTCTGAATCGATGAGAAGAGCTGTT
 AGAGATGTTGCAAGATACTTTTCTACTGCAATTGTGAGCGGGAGATGCAGAGATAAGGTGTATAGC
 TTTGTACGCTTAGCAGAACTGTACTATGCTGGAAGTCATGGTATGGACATTAAAGGACCAACCAAA
 AGTTACAAAAACAAGAAAAGGAACCAACCTGTATTGTTTCAACCAGCAAATGAGTTTTTGCCCATG
 ATTGATGAGGTTTACAAAGCATTTGTTAGAGAAAACCAAATCAACTCCAGGTGCTAAAGTGGAGAAC
 AATAGGTTCTGTGTATCTGTGCATTTTAGATGTGTGGATGAAAAGAGTTGGACTGAACTAGCAGAA
 CAAGTTAGATCACTTCTTAAAGAATACCCAAAGCTTAGACTGACTCAAGGAAGAAAAGGTACTAGAG
 ATCCGTCCTACTATTAAATGGGACAAAGGGAAGGCTCTTGAATTTTTGTTAGAGTCTCTTGGATTTC
 GCCAACTGCAACAATGTTCTGCCACTGTACATTGGAGACGATCGAACCGATGAAGACGCCTTTAAG
 GTCTTGCGCGATAGAGGACAAGGATTCCGGCATTCTCGTTTCTAAAGTTCCAAAAGAAACAAATGCT
 TCTTATTCTCTTCAAGAACCTTCAGAGGTTATGGATTTCTTACCCGGTTAGTTGAATGGAAGCGT
 ATGTCAGTTTCGAGGGCATTCTAGAGTATAGTAAAAGAGCAACTTTCCCATCTAGGAGTGACAATGA
 TCCAAGACTGGGGAAAATTATATGTATTTTCTTTGTTTCAGGAAAAAGTTAAAAGAAAAAAGG
 GGCTTTTCTCCTTTGCTTTTCTTTGGGTTTGGGGGCCTCCTTGTAAGTTGTAAGTACTGATGTACA
 AGGGGAAATGTTTTACCAAAGCAGCCTAATCCCATTATCAGGGGAAGGCAAACATTACATTTG

SEC ID Nº: 64, proteína – Aquilegia spp.

MTKQNVVSDVKSLAITVAVSNSSLFSSAVQKPLTTPGGYITISRSKLLKKLEETGGVTEGRINA
 WVESMRASSPTRIRPAVSLTPNRDENSWMLEKHPKALNMFEETITNASKGKQIVMFLDYDGLSPIVD
 DPDFRSMSESMRRVRDVARYPFTAIVSGRCRDKVYSFVRLAELYYAGSHGMDIKGPTKSYKNKKR
 NQPVLFQPANEFPLMIDEVYKALLEKTKSTPGAKVENNRFCVSVHFRCVDEKSWTELAEQVRSVLK
 EYPKLRLLTQGRKVLIRPTIKWDKGKALEFLES LGFANCNNVLPYIGDDRTDEDAFKVLRDRGQ
 GFGILVSKVPKETNASYSLQEPSEVMDFLHRLVEWKRMSSVRGHSRV

SEC ID Nº: 65, ADN – Brassica campestris

ATGGAGAAACCAAACAGGATGTCAGAGAGTCAAAACGTTGTCGTCCTCAGAGGCGGCAAGGTCTATC
 ATCCCAACAACCTCTTCGGCTCCTCCTGGTTTCATCTCAATCTCCAAGAAAAAGCTTCTCAAGAAC
 CTAGAAATCATCAATGATGGCGAAAGAATCAACGCTTGGGTAGATTCAATGCGAGCTTCTTCTCCT
 ACTCATCCAAAATCACTCCCTTCTTCCATCTCCTCAGAGCAACAACCTCAGTTTCATGGATCATGCAG
 CATCCTTCTGCATTAGAAATGTTTGAGAAAATCACAGAAGCTTCGGGAGGGGAAACAAATCGTAATA
 TTTCTAGATTATGACGGTACTCTCTCTCCCATCGTTGATGATCCAGACAGAGCTTTCATGTCAAGC
 AAGATGAGAAGAACAGTAAAAAACTGGCTAAGTGTTCCTCAACTGCTATAGTTACTGGTAGATGC
 CTAGACAAGGTGTATAACTTTGTCAAGCTAGCTGAGCTGTATTATGCTGGCAGCCATGGCATGGAC
 ATTAAGGGGCCAGCAAAAGGCTTCTCCAGACACAAGAGGGTTAAACAGTCTCTTCTGTACCAACCA
 GCCAGTGATTATCTTCCCATGATCGATGAAGTCTATAGACAACCTTTTGGAGAAAACCAAATCAACT
 CCTGGAGTCATAGTAGAAAACAACAAGTTCTGTGCTTCTGTGCACTTTCGTTGCGTCGATGAGAAG
 AAATGGAGCGAACTGGTTCTACAGGTTTCGGTTCGGTATTAAATGAATACCCTAGGCTTAAACTGAAC
 CAAGGTCGAAAGGTTTTCGAAATACGTCCTATGATTGAATGGGATAAAGGAAAAGCTCTTGAGTTC
 TTGTTAGAGTCACTTGGGTTTGGAACTCTAACAACGTTTTCCAGTTTACATCGGTGATGACCGG
 ACCGACGAAGATGCATTTAAGCTGCTACGAGACAGAGGTGAAGGCTGTGGCGTTCTTGTCTCCAAA
 TTCCCAAGATACGGATGCTTCATATTATTTGCAAGATCCGTCGAGGCAAGTGATGAATTTCTT
 GCAACGATTGGTGGCGTGGAACAAATGCAGCCAAGAGTGTGAAGAGGATGTATGTATAA

SEC ID Nº: 66, proteína – Brassica campestris

MEKPNRMSESQNVVSEAAARSIIPNNSSAPPGFISISKKKLLKNLEIINDGERINAWVDSMRASSP
 THPKSLPSSISSEQQQLSSWIMQHPSALEMFEKITEASGGKQIVIFLDYDGLSPIVDDPDFRAFMS

Figura 8 (continuación)

KMRRTVKKLAKCFPTAIVTGRCLDKVYNFVKLAELYAGSHGMDIKGPAKGFSRHKRVKQSLLYQP
ASDYLPMIDEVYRQLEKTKSTPGVIVENNFKCASVHFRCVDEKKWSELVLRVSVLNEYPRKLKLN
QGRKVFEIRPMIEWDKGKALEFLLESLGFGNSNNVFPVYIGDDRTDEDAFKLLRDRGEGCGVLVSK
FPKDTDASYYLQDPSEASDEFLATIGGVETNAAKSVKRMVY

SEC ID N°: 67, ADN – Brassica rapa

ATGGTGAGCTTTGTCTGCGTGGAGAAACCACAGAGAATGTCAAACGGTGTCTGATCAGAGACCACAAGG
TTAAGTATCATCCCTAACAACTCTTCTCTGCTCAGAAAACGCTTCTCAAGAACCTCGAGATCATC
AATGGTGGACAAAGAGTCAACGCTTGGGTGCGATTCAATGCGGGCTTCTTCTCTACTCATCTCAA
TCACTACCTTCTTCTGTCTCCTCAGAGAAACACCTCAGCTCATGGATCATGCAGCATCCTTCAGCA
TTAGAAATGTTTGAGAAGATCACACAGGCTTCAGGAGGGAAACAAATCGTAATGTTTCTTGATTAT
GATGGTACTCTCTCTCCCATCGTTGATGATCCAGACAAAGCTTTCATGTCAAGCAAGATGAGAAGA
ACTGTGAAAAAATGGCTAAATGTTTCCCAACTGCAATAGTTACCGGTAGATGCATAGACAAGGTG
TATAACTTTGTGAAGCTGGCTGAGCTGTATTATGCTGGAAGCCATGGCATGGACATTAAAGGTCCA
GCAAAAGGTTTCTCCAGACACAAGAGGGTTAAACAGTCTCTGTTGTACCAACCAGCCAGTGACTAT
CTTCCCATGATCGATGAAGTCTATAAACAGCTCTTGGAGAAAATAAATCAACTCCTGGAGTCATA
GTAGAAAACCACAAGTTTACCGCTTCTGTGCACTTTCTGTTGCGTGGAAGAGAAGAAATGGAGCGAA
CTGGTTCTACAGGTTCCGTCGGTATTAGAGAAATATCTACGCTCAAACCTGAGCCAAGGTCGGAAG
GTTTTTCGAAATCCGTCCTATGATCGATTGGGATAAAGGAAAAGCTCTTGAGTTCTTGTTAGAGTCA
CTTGGGTTTGGGAAGCTTAACAACGTTTTTCCCGGTTTACATCGGCGACGATCGGACCGACGAAGAT
GCATTTAAGATGCTACGAGTCAGGGGTGAAGGCTTTGGCATACTTGTCTCCAAATTTCCCAAGGAT
ACAGATGCTTCGTATTCTCTGCAAGATCCGTCGAGGCAAGTCCACACACGCGTATATTATACCTT
TCTGTTCTTAAATATAAGATGTTTAGCAGGGCCGATTTATAA

SEC ID N°: 68, proteína – Brassica rapa

MVSFVVEKQPORMSNGVSVSETRLSIIIPNNSSSAQKTLNLEIINGGQRVNAWVDSMRASSPTHLK
SLPSSVSSEKHLSSWIMQHPSALEMFEKITQASGGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDKAFMSSKMRR
TVKKLAKCFPTAIVTGRCLDKVYNFVKLAELYAGSHGMDIKGPAKGFSRHKRVKQSLLYQPASDY
LPMIDEVYKQLEKTKSTPGVIVENHFKTASVHFRCVEEKKWSELVLRVSVLEKYPTLKLKSQGRK
VFEIRPMIDWDKGKALEFLLESLGFGNSNNVFPVYIGDDRTDEDAFKMLRVRGEGFGILVSKFPKD
TDASYSYLQDPSEASPHTRILYLSVPKYKMFSSR

SEC ID N°: 69, ADN – Gossypium hirsutum

CGCCGCCGGTCAAAATGGTCTCTGATCCAAACTCTGCACAGAAACCACCGGCACCACCTGGGTTTT
ATATCCATTTCCAGAAAGAAATGCTTCAAAACCTTGAAATCAATGCCGGAGCTAGAGTTAATTCA
TGGGTGCGATTCCATGAGAGCTTCTTCTCCAACCTCATATGAAATCAGCACCGTCCATTGCTGATGAT
CAAGGTTCCCTGGAATCTAAACCATCCATCAGCACTAGATATGTTTCGAACAGATAATCGATGCATCA
AAAGGGAAACAAATCGTAATGTTTCTTGATTACGATGGCACTCTTTCACCAATCGTAGCCGATCCA
GATCGGGCTTTTCATGTCTAAGAAGATGAGAAAGACAGTGAGAAAGCTAGCCAAATGTTTCCCTACA
GCTATAGTGAGTGGCAGATGCAGGGACAAGGTGTATAATTTGTCAAATTAGCTGAGCTATACTAT
GCTGGAAGCCATGGCATGGACATTAAAGGCCCTGAAAAAGGTTCCAAATCTAACAAAGATACTGAA
TCTGTTCTTTTCCAACCAGCTAGTGAATTTCTTCCCATGATTGATGAGGTTTATAAACAGTTGGTT
GAAACTACAAAATCAACACCAGGTGCTAAAGTGGAGAACAACAAGTTTGTCTCTCAGTACACTTC
CGTTGTGTTGATGAAAAGAAATGGAGTGAATTGGCACAACAAGTGAAGTCTGTTTTAAAGACTAC
CCCAAGCTTCGGCTAACTCAAGGCCGAAAGGTTTTGGAAATCCGTCCTACAATCAAATGGGACAAA
GGGAAAGCCCTTGAATTTTTGTAGAAATCTCTTGGAATTTGCTAACTGTACCGATGTCTTTCCCGTT
TATATCGGAGATGATCGGACCGATGAAGATGCATTCAAGATATTGAGGGACAGAGGCCAAGGTTTT
GGTATTCTTGTATCCAAGTTCCCCAAAGACACTAATGCATCCTATTATTACAAGAACCAGATGAG

Figura 8 (continuación)

GTCATGGACTTTTTACGACGTCTGGTTGAATGGAAAGAATTATCTCTAAGAACTCAGTCGAGAATG
TAGAAGAAAATAAGACAGTGGAAGTAAATATTTGTGCACCCTAGCAAAGAAATTGTAAAGGGGGGT
GTGAGATTAAAGTAGTAAATATTGTTTTAAGATGAGAGAAATGATTATAAAAGCTTTGTACATC
TTTGTAAGTAGTTGGGGTACAAAGGGTCAAGTCTTGTAGCTTCATAACTTGTCTATTAATGCATAG
GAAAGCAATGGTTTCGGATTAATGTT

SEC ID N°: 70, proteína – *Gossypium hirsutum*

MRASSPTHMKSAPSIADDQGSWNLNHPALDMFEQIIDASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVADPDRAF
MSKKMRKTVRKLAKEFPTAIVSGRCRDKVYNFVKLAELYYAGSHGMDIKGPEKGSKSNKDTESVLF
QPASEFLPMIDEVYKQLVETTKSTPGAKVENNKFCLSVHFRCVDEKKWSELAQQVKSVLKDYPKLR
LTQGRKVLIRPTIKWDKGALEFLLESGLFANCTDVFPVYIGDDRTDEDAFKILRDRGQGFILV
SKFPKDTNASYSLQEPDEVMDFLRRLVEWKELSLRTQSRM

SEC ID N°: 71, ADN – *Bordeum vulgare*

CAGCCCTCCACCGCATCCGGGCCGAGACACCTCCCTGGCCGCCATCGAGCATGCCGGTCGTGTCA
GAGGTGGGCATCACGGTGACCGCGGCCACGGCCACGGCGTGCCCTGCCCGGGGTGCGTGTTCCTG
TACCCGCCGCGCGTGCCTGGGATGGCCGTGAGCCGGAAGTGCTGCGGGCGGCGAGGCGGAGCTT
GGCGCGGGGATGCTCAGTGGCTGGTGCAGTCCATGCGGGCGTCTGCCCCACGCACGCCAGGGCC
GCTGCCGCCCTGCGTGCCTGGCGTCCGACGACGAGCAGCGGCCCTGGATGGCCAGGCACCCCTCCGC
CTTGCCCAAGTTCGAGGAGATCGTGGCCGCTCCAAAGGGAAGCAGATCGTCATGTTCTCGACTA
CGACGGCACACTGTCCCCATCGTCGATGACCCGACGCCGCTTCATGAGCGAGACGATGCGGAT
GGCCGTGCGCAGCGTGGCCAAGCACTTCCCGACGGCGATCGTCAGTGGTGGTGGCGGACAAGGT
GTTTGAGTTCGTGAAGCTGGCGGAGCTCTACTACGCCGGCAGCCACGGCATGGACATCAAGGGCCC
GGCCAAATCCTCTTCCGGGCACGCAAAGTCCAAGGCCAAAGGAGTTCTCTTCCAACCAGCAAGCGA
GTTCTGCCCATGATAGAAGAGGTGCATCAACGCCTGATAGAGGAGACCAAGCACGTAGCCGGCGC
CAAGGTGGAGAACAAAGTTCTGCGTCTCCGTCCACTTCAGATGCGTGCAGGAAAAGAGCTGGGG
CGCGCTGGCGGAGACGGTGAAGGGGGTGATGCGGGAGTACCCGAAGCTGCGCATGTGCGAGGGCG
GATGGTGTTCGAGGTGCGGCCACCATCAAGTGGGACAAGGGCAAGGCCCTCGAGTTCTGCTCGA
GTCGCTGGGCTTCGCCGACTGCAGCAACGTGCTGCCCGTCTACATCGGCGACGACCGCACCGACA
GGACGCCTTCAAGGTGCTGCGGCGGAGGGGCCAGGGCGTCGGGATCCTCGTCTCCAAGCACCCCAA
GGACACCAGCGCATCTTCTCGCTGCAGGAGCCCGCCGAGGTCATGGAGTCTCTCTCCGCCTCGT
CGAGTGGAAGCAGCTCTCCAGGGCGCGCCTCAGGCTGCGGCGACAGGCCACGCCTGATCGGACGA
CCACGAGGATCGGCCGGCCGGGCTAATTAATCACTACGCGTAGCTTAGTTAGTTGATGAATCCCC
TGCTCATCGTCATCGTATGAAAGCCAAAGGCTACGTGGATGAGAAGAAGGAACCGTACCACGGCGA
GCCTGTGGGGCATTGTGGCGCCACATGCTGTGTTCTAACCACGCCCTTCTTTTTCTGGGGATGTAT
ACCTACCGAGTAACGACTATGCATGCATGTAAATTACCCTGGTACGTCCACGTACAAGGGGAGGAA
CCATGGAATAAAGAAACAGAAACCTGAGTAAATAGCAACAACCAAGCCTTTTGCCTC

SEC ID N°: 72, proteína – *Bordeum vulgare*

MARHPSALAKFEEIVAASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDAAFMSSETMRMAVRSVAKHFPTAIVS
GRCRDKVFEFVKLAELYYAGSHGMDIKGPAKSSSGHAKSKAKGVLFQPASEFLPMIEEVHQRLIEE
TKHVAGAKVENNKFCVSVHFRCVDEKSWGALAETVKGVMREYPKLMSQGRMVFEVRPTIKWDKKG
ALEFLLESGLFADCSNVLVPVYIGDDRTDEDAFKVLRRRGQGVGILVSKHPKDTASFSLQEPAEVM
EFLRLVEWKQLSRARLRLRRQAHA

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 73, ADN – *Medicago truncatula*

TGTCCTCTCTCTAGTTCTAAATATTCCCTATCTCTCTTTTGCCTCTTCAATTTCCCTTCTTCCTCTT
 TTGCATTCCATTGCAATTATCCACTTCTCACACCCACCTCTTTAACCTATTTTCTATTTGTTTCC
 TCACAAACCCTAAGTGAAGATGACTCAAAAGAATGTGGTTGTGTCTGAGACCAAACCGGAATCAA
 TGGTAGCGGTACTATTACCGTGGCACAGAAGCCACCGGCAGCACCCGGTGGATACGTTTACATTCC
 AAGGAGGAGAATTTTGAAGAATCTTGAAATCAATGGAGGACAAAGAATCAATACATGGATTGATTTC
 TATGAGAGCTTCTTCTCCAACCTCATGTCAAATCTTCTCCTTCTTTAGCTGAAGAATACAATTCCTTG
 GATTCTTCGCCATCCATCTGCATTAGATATGTTTGAACAAATTATGGATGCTGCAAAAGGAAAACA
 GATTGTTATGTTTTTGGACTATGATGGTACTTTGTACCTATTGTGCGATGACCCTGACCGTGCTTT
 CATGTCTGAATCGATGAGGAAAACAGTTAAGAACTTGCAAGGTGTTTTCTACTGCAATTGTTAC
 TGGAAGATGCATAGATAAAGTGTACAATTTTGTCCGTTTGGATGAACTATATTATGCTGGAAGTCA
 TGGCATGGATATTAAAGGGCCAAACAAAAGAGTCCAAATACAACAAAATAACAAAGCTGAGGAAGT
 ACTTTTTCAACCTGCCAGAGAATTTGTTCCCATGATAAATGAGGTGTACGAACAACCTAGTTGAGAA
 AACAAAATCAACTCCTGGTGCCAGAGTTGAGAACCACAAGTTCTGCACCTCTGTTTCATTTTAGATG
 TGTTGATGAAAAGAGATGGGTTGAATTGGCACAGCAAGTAAATCCGTGTTAAAAGAGTACCCGAA
 GCTTCGTCTAACACAAGGAAGAAAGGTATTGGAGATTCGTCCCGCAATTAAATGGGACAAGGGCAA
 GGCCCTCGAATTTTTTGCTAGAGTCACTTGGATTTGCCAACTGTAACGATGTATTTCTGTATTATAT
 TGGTGATGATAGAACCGATGAAGATGCATTCAAGAAATTAAGAGACATAGATCAAGGTTTGGAAAT
 TCTAGTCTCTAAGTTTCCAAAAGACACAGCTGCTGCATACTCTTTACAAGAGCCTAATGAGGTTAT
 GGAGTTCCTTCAGCGTTTGGTGGAGTGGAAAAAACATCTCCAAGATCACGTTCTAGGGTGTAAT
 GAAGACTTTGTACATCCC'TGACTGGCCATAAAATACATGACCCATATTCATTTTTTAATTTGTCCA
 TCAATTTTCTAATAATAAATCCTAGAGTCAACAGGATTTGCCAACTGTAACGATGTATTTCTGT
 TTATATTGGTGATGATAGAACCGATGAAGATGCATTCAAGAAATTAAGAGACATAGATCAAGGTTT
 TGGAATTCTAGTCTCTAAGTTTCCAAAAGACACAGCTGCTGCATACTCTTTACAAGAGCCTAATGA
 GGTATGGAGTTCCTTCAGCGTTTGGTGGAGTGGAAAAAACATCTCCAAGATCACGTTCTAGGGT
 GTAAATGAAGACTTTGTACATCCCTGACTGGCCATAAAATACATGACCTTTTTTATTTTTCTTTCT
 ATGTTTTGTTCAGATTAGTACAAAAGAGCAAAAATGTATGGAAAAAAAATGAAAGACAAAAGTG
 TCTTTCTGAGTTTGAAGCTCGATTGTCTACATTGATGTAATTAGCTTAGCCAAGTAGTAATTACTA
 ATTAGTACGGGGGGGAAAGTATATGTACTAACCATATCAGATCAGATCAGATGAAGTGATTCTGAAT
 GGGTTAAATTTGTACCCCTTATGATTATGATGATTAAATATTATAAGGTTACGTATCAAAAGATAT
 GTATTTATAGTGACATGCTTATTAAGTACTT

SEC ID N°: 74, proteína – *Medicago truncatula*

MTQKNVVVSEKTKTINGSGTITVAQKPPAAPGGYVHIPRRRILKNLEINGGQRINTWIDSMRASSP
 THVKSSPSLAEEYNSWILRHPSALDMFEQIMDAAGKQKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDRAFMSESMR
 KTVKKLARCFPTAIVTGRCIDKVYNFVRLDELYYAGSHGMDIKGPTKESKYNKNNKAEVLFQPAR
 EFVPMINEVYEQLVEKTKSTPGARVENHFKCTSVHFRCVDEKRWVELAQQVKSVLKEYPKLRLTQG
 RKVLEIRPAIKWDKGKALEFLLESLGFANCNDVFPVYIGDDRTDEDAFKLRDIDQGFILVSKFP
 KDTAAAYSLQEPNEVMEFLQRLVEWKKTSPRSRSRV

SEC ID N°: 75, ADN – *Medicago truncatula*

AACACACCCATCTCTCTGTTCTTCTCTGTCTTTTCCCTCTCTAGTTTTTTTTTCTTATTCTCAATTT
 CTCATAACAATGACTAACCAGAATATGTTGGGAAAGTCACGTGTGATTGTGAATGAGAAGATATTG
 GAATTAGCAATGTCGATTTCAAACCTCTAATGTTTTACCAAGAAGTCAATGCCTGAATTAATGGCT
 TTGTTTGATGGGCTTTTAGGCCAGCGCAAAAACAATCTCATTAAGCCTTTGGAAGATGATAATGAT
 CACAAAGGAGCAACTAAAGTTAACGCGTGGATTGATTCCATGAGAGCTTCATCTCCTACTCGAACC
 AGACACGATTTCAGAAAATCGTGACCAGACTCATTGGACTCTTTTCCATCCTTCTGCGTTGAACATG
 TTCAGTAAAATAATGTACAATACAAATGGGAACAAATGTTGTTTTTCTTGACTATGATGGAAC

Figura 8 (continuación)

CTCTCCCCAATTGTAGCAGATCCAGATAAAGCCTACATGAGCAAAAAGATGAGAGTGACATTGAAG
 GACATAGCAAGACATTTTCCCACTGCCATTGTTAGTGGAAGGTGCTTAAACAAGCTATTTAGCTTT
 GTAAGGTTGGCTGAATTATACTATGCTGGAAGCCATGGGATGGATATTAAGGGTCCAACAAATAGG
 AGAAGCACTAAAAAAGGTAATAATGATGGGGTACTTTTGCAGCCTGCTAGTGAATTTTGGCCATG
 ATCAATGAGGTTTATAAGATCTTGGTGGAGAAAACAAAGTGTGTTCCAGGGGCTATGGTGGAAAAT
 AACAAGTTTTGTTTATCTGTGCATTTTCGGAACGTTGACGAAAAGAGTTGGGAAGCATTGGGTGAA
 CAAGTAAGCTTAGTGATGAATGATTACCCAAAACCTAAAGCTAACACAAGGGGAGAAAAGTGTGGAA
 ATTCGACCAATTATTAAATGGGACAAAAGGAAGGGCTCTTGAATTTTGGCTAGAGTCACTTGGTTTT
 GCAAATTCTAAAGGAGTATTTCCAATCTATATTGGTGACGATAGAACCACGAGAGATGCTTTTAAG
 GTTTTACGCAATAGGGGCCAAGGGTGTGGGATTCTTGTTCAAAAATTTCAAAAAGAACTAATGCT
 TCTTACACTTTGCAAGATCCATCTGAGGTTGGAGAATTTTTCGGCATTGGTGGATTGGAAAAGA
 ACAAGTTCTCGTTCTCACAGTTGTAGAGAGAGCTAGGAATCTATAAATGAGTTTAGGGATTTGAC
 ACCGACCCAAGAATCTGGTCAAGGGGTAGTTAAATGGCATCCCTTGTTCGAAAATAGGAAAATAG
 TACATTTTATTGTTCCATAATTTTAATATTTTAGGGACTAGAAAGTCCAAATAGATTCTCTTTTTC
 TTTTTTCCTTTTCTTGTTCATGTATAATTCTATTCTTGATCTTTCACACGTTTGCATGCGCAT
 GCGGATAGTGAAAGACATATGTTTTATGCCTCATTGTTTATATGAGACATTATAACTTTCTTACTC
 TCTACTGTACTTAATGTACGTTTGGCAAATGTAATACTCATAATGAAAATTGCCAATTTTCATCTT

SEC ID Nº: 76, proteína – *Medicago truncatula*

MTNQNMGLGKSRVIVNEKILELAMSI SNSNVLPRTSMPELMALFDGLLGQRKNNLKPLEDDNDHKG
 ATKVNAWIDSMRASSPTRTRHDSERDQTHWTLFHPALNMFASKIMYNTNGKQIVVFLDYDGTLS
 IVADPDKAYMSKKMRVTLKDIARHFPTAIVSGRCLNKLFSFVRLAELYYAGSHGMDIKGPTNRRST
 KKGNNNDGVLLQPASEFLPMINEVYKILVEKTKCVPGAMVENNKFCLSVHFRNVDEKSWEALGEQVS
 LVMNDYPKLKLTQGRKVLIRPIIKWDKGRALEFLLES LGFANSKGVFPPIYIGDDRTDEDAFKVLR
 NRQGCGILVSKISKETNASYTLQDPSEVGEFLRHLVDWKRTSSRSHKL

SEC ID Nº: 77, ADN – *Nicotiana benthamiana*

GATCTTCATCCCTAACTCCTATTCCAATCCCAATTTGTCTTCCTACTTTTTTTTTTCTAGCATTGC
 GAGTAAAGAAACCTTTCTTCGGCTTCGTCTTAACCCAACTCTCATTCCCATTCCCATTCTTTCTTT
 TGCTACAAAACAGAGTGAAAGCAGAGTACACTATCCCTGTTCTTCAAGATTGTATTAAGTATTA
 GTTGAACATAATTTAGGAGTGACGATGACTCAGCAGAATGTGGTAGCGTCCGACCTAAATCCGGT
 ATTAATTTGGCAATACCAGTGAAGGTACAAGTACCATCAAACCTCCCCCGCGCTGTTACGACAGTG
 GCACAGAAGCCGCCACCGGCACCGGGGAGTTGTATCACCATTTCAAGAAAAACACTTGTGAAATC
 AATGGGAATAAACTGGTGCTAGAATCAACTCTTGGGTGATTCAATGAGAGCTTCCTCTCCTACT
 CATCACAAGTCCACTCCTCCTCTTTCTGATGACATCAATTCTTGGATGGTGCAACATCCATCAGCA
 CTGGATAIGTTTGAGCAGATAATAAGTGCTTCAAAGGGAAAGCAAATAGTGATGTTTTTAGACTAT
 GACGGCACACTCTCCCCCATTTGTTGAGGATCCTGACCAAGCTTTTCATGTCTGATGCTATGAGAGCA
 ACAGTGAGAAAGCTTGCTAGATATTTCCCTACTGCAATAGTGAGTGGAAGGTGCAGAGACAAGGTA
 TACAACCTTTGTACGATTGGCAGAGTTGTACTACGCTGGAAGCCATGGAATGGATATAAAAGGACCA
 TCAAAAGGTTCCAAATACAAGAAAGGAGCAGAAGCTGTTCTTTGCCAACCAGCAAGTGAATTTCTA
 CCAATGATTGATGAGGTTTACAAGCATTAATTGATGCAACAAAATCTACAGAAGGAGTTATAGTG
 GAGAATAACAAGTTTTGTGCCTCTGTGCATTTCCGCTGTGTTGATGAAAAGAAATGGGGTGAAC
 GCACAAGTCGTAAGGTCAGTGCTTAAAGAATATCCAAAGCTGAGATTAACACAAGGAAGAAAAGTA
 TTTGAGATCCGTCCTACTATTAAATGGGACAAAGGCAAAGCTCTTGAATTCCTTGCTTGAATCCCTT
 GGATATGCTAACTGTACTGATGTATTTCCCTGTATATATTGGTGATGACCGAACCGATGAAGATGCT
 TTTAAGGTTCTACGAGAAAGAGGACAGGGTTTTGGCATTCTTGTCTCCAAAATTCCAAAAGACACA
 CATGCATCTTATTCTTTACAAGAACCATCTGAGGTTATGGTGTGTTTTACGACGCTTGGTAGAGTGG
 AAAAAGTTGTCGTTAAGAAGACAGTTTAGAATTCGAAGGCAAATTGAAGAGATAAAAGCATCTCTA

Figura 8 (continuación)

CGGAACTAATGAAGAATTATTGTCCAAAAGTAATGGACTTAATGATGCATATAATGTATTTTCCTT
TTATAAATATAACAAAAGAAGTTGTAAAAGAAAAGGTGAAAAGATAGGCTTTTTTAATCCTTTTCT
ATTTGGCTTTAAGGCCTTGTACATCTTTGTAAGTCTGTACAAGGGTAAATTGTAATTTTCTA
GTCTTAGCTAATGCATATATTGGAAGTTCTCTCTCTAAGTACATATATACTCCCTAAATTGAAAGA
TGACACATTTTCGCTT

SEC ID N°: 78, proteína – *Nicotiana benthamiana*

MTQQNVVASDPKSGINLAIPVKVQVPSNSPALFTTVAQKPPAPGSCITISRKTLEINGNNTGAR
INSWVDSMRASSPTHHKSTPPLSDDINSWMVQHPSALDMFEQIIISASKGKQIVMFLDYDGLSPIV
EDPDQAFMSDAMRATVRKLARYFPTAIVSGRCRDKVYNFVRLAELYAGSHGMDIKGPSKGSKYKK
GAEAVLCQPASEFLPMIDEVYKALIDATKSTEGVIVENNKFCASVHFRCVDEKKWGELAQVVRSL
KEYPKLRLTQGRKVFEIRPTIKWDKGKALEFLLESGLYANCTDVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRERG
QGFGLVSKI PKDTHASYSLQEPSEVMVFLRRLVEWKKLSLRRQFRIRRQIEEIKASLRN

SEC ID N°: 79, ADN – *Nicotiana tabacum*

CTGGCTGCAGTGATAAGGTTACTTCGAAGAGGTGGTTTTTTCATTGACAAAAGGGTTGGTTAGAAGT
GTGTGAGACATTCTAATTAGTAAACCGTCGTCAACTGTTTGCATAGTTGATAAACTTGTATTCTGC
CATAAAAAGATATTGGGCACAATGGACCTGAAATCAAATACTTCCCCAGTTGTTACTGATCCTGCC
CCAATGACTCAGTCCAGATTGGGCACCCACTCTGCTTTGATGCCATACTCACCAGCTGGGGCAACT
TTCTCTCCACACTATTTCCTTACTATCCCAAGGAAAGAGCCAGGAATCCTAGATGATGTTAGATCA
AACACTTGGTTGGACGCCATGAAATCGTCATCTCCTACACATAGCAAGAAAAATAAGGACTCCAAT
GCTGAACAAACAGCAAATGAAAGTGATCTTGCCCTACCGCATTGATGCTCAAGTACCCCTCAGCA
CTTTCATCATTTGAGCAAATCACCAATTATGCAAAAGGCAAAAGGATAGCACTCTTTTTGGACTAT
GATGGGACTTTTATACCAATTGTAGATGATCCAGATCGAGCCTTCATGTCTGGTGCTATGCGCGCT
ACTGTGAGGAATGTGGCTAAATATTTTCCACAGCAATTATTAGTGGGAGAAGCCGAGATAAGGTA
TATGACTTTGTGCGACTAGCAGAACTTTACTATGCTGGTAGTCATGGGATGGATATAATGGGTCTT
GTTTCGATCCGTTTCTGATGACTATAGTTGTATTAGATCTACTAACAAGCAGGGCAAGGAAGTTAAT
CTTTTCCAACCTGCTGGTGAGTTCTTACCAATGATTGATGAGGTTTTTAGATCTCTTATTGAGCTC
ACAAAAGACATCACGGGAGCAAAGGTTGAGAACAACAAATCTGTGTTTTCTGTACACTATCGTAAC
GTAGATGAGAAGAGTTGGTCAGCTATTGGAGAATCTGTTGATGAAGTGTAAACACTACCCACGT
CTGCGATTGACACATGGCCGGAAGGTTTTAGAAAGTCAGGCCTGTGCTTAACTGGGACAAGGGGAAA
GCTGTTGAGTTCTTACTTGAATCTTTGGGGTTGAAAAATTGTGATGATGTTCTTCCCATATACGTT
GGAGATGATCGTACAGATGAAGATGCATTCAAGGTCTTGAGAGAGGGAAATAAAGGCTACGGAATC
TTAGTATCTTCTGCAACAAAAGAAAGCAGTGCGTTTTACTCTCTGAGGGATCCATCTGAGGTGATG
GAATTCCTCAAGTGCTTGGTATCATGGAAGAAGTCAAGTGGTTTTAGCTATTAACAAGGAGTACCA
TTCAACAACACATATACCCCATTTTGTGTAATCTTTTCATATGAAGATCTAATGACTTGCGGATG
GTTTAGGGAGCAGAGGTGCTTAGTGAAGCTTCTAGAGACAGCAACAGGGATTCAAGTTTACTGTTT
CTGCTCAGAGTTTTTCTTTGTAAATTCCTTTTTCGTAATTGCCGCATCAAGGATGCCCTTAAGTCAA
TGTATAGTCATCTTCGTATTTTATTTTTCAAGTTGTATGTTGTTTTAACTTTGGCGTCAGTTCTCC
CCAAGGGAGAGTGTAACCAACAAGTAAATGCTTAATACATCAAGTACGAAGTAAATTTAGTAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEC ID N°: 80, proteína – *Nicotiana tabacum*

MDLKSNTSPVVDPAPMTQSRLGTHSALMPYSPTGATFSPFLTLTI PRKKPGILDDVRSNTWLDAM
KSSSPTHSKKNKDSNAELTANESDLAYRIWMLKYPSALSSFEQITNYAKGKRIALFLDYDGLSPI
VDDPDRAFMMSGAMRATVRNVAKYFPTAIIISGRSRDKVYDFVGLAELYAGSHGMDIMGPVRSVSDD
YSCIRSTNKQGKEVNLFPAGEFLPMIDEVFRSLIELTKDITGAKVENNKFCVSVHYRNVDEKSW
AIGESVDELLKHYPRLRLTHGRKVLEVRPVLNWDKGKAVEFLLESGLKNCDVLPYVGGDDRTDE
DAFKVLRGNKGYGILVSSAPKESSAFYSLRDPSEVMEFLKCLVSWKKSSGFSY

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 81, ADN – *Nicotiana tabacum*

CTTTGTTCCCTTACTTCTCTATTTTCTTTCACTTAAACACACAGAAGCAGAGAAGTTTAATTATTCA
 TTTCTCTGACTCTGTGTTTCTCTAATTTCTTCTCTTACGGATTCCAATTCCTCTGTTTTTTTAATC
 TTTTCAAGGGTAATTTTGTGTTGCCAAATGACGAACCAGAATGTGATTGTTTCTGACCCAAGATCA
 GGGTTGGAGTCTTCTTTCTTATCGTTTCTCACCGGCGGTACCCGGTCCACTACCGCCGCGGGGAGA
 TTCATCGCCGTTCCGGCAAAGAAATCATTTAAGAACATTGAGTCTGCTGCCGGAGATCATGGAGCT
 AATAGGATTACTGCTTTACTTGATTCCATGAGAGCTTCTTCCCCACCTCGTAGATCCTCTGAACT
 GAGAATCTCAAGTCTTGGATTGTTTCATCATCCCTCAGCTTTGAACATGTTTCGAGGAAATTATAAT
 GCTTCAAAAGGGAAACAATAAATGTTTTTGGACTATGATGGTACATTGTCTCCTATTGTTGAT
 GATCCTGACAAAGCCTTTATGACTGCTGAGATGAGGGAAGCAGTGAGAGACACATCCAAGTATTTT
 CCTACAGCAATAGTGAGTGGAAGATGCAGAGCAAAAGTCTTTAATTTTCGTAAAGTTATCAGAACTG
 TATTATGCTGGAAGTCATGGAATGGACATTAAGGCGCCTGCTAAAGGACGCAAATATAGAAATGGA
 AATAATCGAACTGTTCTCTGCCAACCTGCCAGAGAATTTTACCCATGATTGATGAGGTATATAAA
 TCTTTAGTGGAGAAAACAAAATCTATAGCAGGAGCTAAAGTGGAACAAACAAATCTGCTTATCC
 GTACATTTCCGTCGTGTTGAAGAGAAGGTGTGGACTGAATTAGCTGAGCAAGTGAAGTCAGTGACT
 AAGGAATACCCAAAACCTTCGATTAACCTCAAGGAAGAAAGGTTTTGGAGATTTCGTCCAGCATTAAA
 TGGGACAAGGGAAAGGCACCTGAATTTTTGTTGGAATCATTAGGGTATGCTAATTCAAATGATGTT
 CTGCCTATATACATTGGCGATGATCGAACAGATGAAGATGCTTTCAAGGTTTTGCGTGACAGAGGA
 CAAGGTTTTGGAATATTAGTGTCCAAAGCACCTAAAGAAACGAATGCTTCCTATTCTTTGCAAGAG
 CCATTAGAGGTTATGTACTTTTTAAATCGTTTTGTGGAGTGGAAGATCGTCCTCGCAAAGATAT
 CAGAGGAAATAAAATCCAGAAGAGTAGCTCACACCAAGAGTTGACCCTTTAACCCCTGGAAGTTTTG
 TTGGGGATGGGTTTAGAAATTAAGAGCTTTAATTTGTAGCACCTTTTCTTTTTTGGAAAGACTCAAC
 TGTAATTGAAAAAATGGAGAAATTTTTGTAATTTTCCGAGTATAAATTCAATAAGAAAGTATTGTG
 CACTTCTCACTTATATCCT

SEC ID Nº: 82, proteína – *Nicotiana tabacum*

MTNQNVIVSDPRSGLESSFLSFSPAVPGPLPPPGRFIAVPAKKSFKNIESAAGDHGANRITALLDS
 MRASSPPRRSSETENLKSIVHHPSALNMFEIINASKGKQIIMFLDYDGLSPIVDDDPDKAFMTA
 EMREAVRDTSKYFPTAIVSGRCRAKVFNFVKLSELYYAGSHGMDIKAPAKGRKYRNGNNRTVLCQP
 AREFLPMIDEVYKSLVEKTKSIAGAKVENNKFCLSVHFRRVEEKVWTELAEQVKSVTKEYPKRLRT
 QGRKVLEIRPSIKWDKGKALEFLLES LGYANSNDVLP IYIGDDRTDEDAFKVLRDRGQGFGILVSK
 APKETNASYSLQEPLVEMYFLNRFVEWKRSSSQRYQRK

SEC ID Nº: 83, ADN – *Sorghum bicolor*

GCACGAGGACCAATCATTTCTTTCCAACAAATCTCCAGCCTCTGCTGCTGCTAATAAACTGATCGA
 TCGCGTTGTTCTTGATAATCATCAGTCGACCGATCGCGATCGGGATGGCGAAGCCTAGCGTGGCGG
 CGGTGCCGGAGGTTGTTGGCGTGCCAGCAGCAGCGCAGGCGACGACGCTGTTCCCGTACCCGCCAC
 CGCGTGGCGCCGGGATCACAGCCGCCGTCGTGCGCCGCAAGTGCTGCGAGGTGGAGCTCGGCGCGG
 GGGCGGCCGGGCCGCTGCTGGGCGGCGCGTGTGGGGCGTGAGTCGATGCGCGCGTCTGCCCCA
 CGCACGCCAAGGCCGCCGCCGCGCTCGCCGCCGGCGTCGACGAGGAGCGCCGCGCCGCTGGACGG
 TGCGGCACCCGTCGGCGCTGGGCAAGTTTCGAGCAGATCGTGCGGCGTCCGAGGGCAAGCGGATCG
 TCATGTTCTCTGACTACGACGGCACGCTGTGCCCCATCGTGACGACCCCGACGCCGCTTCATGA
 GCGAGACGATGCGGATGGCCGTGCGTAGCGTCGCCAAGCATTTCCCGACGGCGATCGTGAGCGGGC
 GGTGCCGGGACAAGGTGTTTCGAGTTTCGTGAAGCTGGCGGAGCTGTACTACGCCGGCAGCCACGGCA
 TGGACATCAGAGGCCAGCCAAGGCCTCTTCCCGGCACGCAAAGGCCAAGGCAAAAGGCGTTCTGT
 TCCAGCCGGCGAGCGAGTTCTGCCCCATGATCGAGGAGGTGCACGACCGCCTTGTCGAGACGACGC
 GCTGCATCCCGGGGGCCAAGGTGGAGAACAAAGTTCTGCGTCTCCGTCCACTTCAGATGCGTCG
 ACGAAAAGATGTGGGGCGAGCTGTCAGAGTCGGTGAAGGGCGTGCTGCGGGAGTACCCGAAGCTGC

Figura 8 (continuación)

GGCTGACACAGGGGCGGATGGTGTTCGAGGTGCGTCCCACCATCAAATGGGACAAGGGCAAGGCC
TCGAGTTCCTGCTCGAGTCGCTCGGCTTCGCGGACTGCAGCAACGTCCTGCCCGTGTACATCGGCG
ACGACCGCACCGACGAGGACGCCTTCAAGGTGCTGCGGCGCCGGGGCCAGGGCCACGGCGTCGGGA
TCCTCGTGTCCAAGCACCCCAAGGAGACGTCCGCCTCCTACTCCCTCCAAGAGCCCGCCGAGGTGA
TGGAGTTCTTGCTGCGGCTCGTTCGAGTGGAAGCAACTCTCCAGGGCAAGGCTCATCAGGCTGCAAT
GAGATTGAGATGGACGACGCAACGGATCAAGCTAACTGTCAGGTGCTAATTAAGAGATCCTGCTAC
GTGAAATCGTGAATGGCAGAGAATCTGGCACTGTATTGTGTCTTCTACTGTCCCGTAGTCATCT
GTTTTCCTCTCCCTTCTCTGTACGTGTTCCCTGGGAACCTCTCTGGCCTCTGCTAGGCGTGTGTGT
AAGTGTTTAACAAGCATGCATGTACATTAGTATTACCTAATAGTAGTTAACTTATATGCTACATAT
ATATATATATATATGTAGTACAGTATATACAAGAGGGAAGAATATATGAAGCAACGAAGACCGNAA
AAAATTATGTCTCGTTCAAGGTTTT

SEC ID Nº: 84, proteína – Sorghum bicolor

MAKPSVAAPVEVGVPAQAATTLFPYPPPRGAGITAAVVRKCLQVELGAGAAGPLLGGACWGV
SMRASSPTHAKAAAALAAGVDEERRAAWTVRHPSALGKFEQIVAASEGKRIVMFLDYDGTLSPIVD
DPDAAFMSETMRMAVRSVAKHFPTAIVSGRCRDKVFEFVKLAELYAGSHGMDIRGPAKASSRHAK
AKAKGVLFQPASEFLPMIEEVHDLRVETTRCIPGAKVENNKFCVSVHFRVDEKMWGELSESVKGV
LREYPKLRLTQGRMVFEVRPTIKWDKGKALEFLLES LGFADCSNVLPVYIGDDRTDEDAFKVLRRR
GQGHGVGILVSKHPKETSASYSLQEPAEVMEFLRLVWVKQLSRARLIRLQ

SEC ID Nº: 85, ADN – Solanum tuberosum

GCCCCAATCCGGTATTAATCTGACAATACCGGTATCGAACTCGTCGGCGTTATTTACGACGGCAGC
TCAGAAGCCACCGCCAGGGCCGGGAGTTGTATAACTATTTCAAGAAAGACACTTGTGAAATTAA
TGGGAATAATAGTGCTAGAAATCAATTCTTGGGTTGAATCAATGAGAGCTTCTCTCCTACTCATCA
TAAGTCCAGTCCTGCTCTTTTTCAGATGACTTGAATTCTTGGATGGTGCAACATCCATCAGCACTGGA
TATGTTTGAGCAGATAATCAGTGCTTCAAAGGGAAAACAAATTGTGATGTTTTTAGACTATGATGG
CACTCTTTCCCCCATTTGTTGAAGATCCTGATCAAGCTTTCATGTCTGATGCTATGCGAGCAACAGT
GAGAAAACCTTGCTAGATATTTCCCTACTGCAATAGTGAGTGGAAGGTGCAGAGACAAGGTATACAG
CTTTGTACGATTGGCAGAGTTGTACTATGCTGGTAGCCATGGAATGGATATAAAAAGGGCCATCAAA
AGGTTCCAAATACAAGAAAGGAGCGCAAGCTGTTCTTTTCCAACCAGCAAGTGAATTTCTCCCTAT
GATTGATGAGGTTTACAAAAAATTTGTAGATATAACAAAATCTACAGAAGGAGTTAGAGTTGAAAA
TAACAAGTTTTGTGCCTCTGTACATTTCCGCTGTGTTGATGAAAAGAAATGGGGTGAAGTAGCACA
AGTAGTAAGATCAGTGCTTAAAGAATACCCAAAGCTTCGATTGACACAAGGAAGAAAAGTATTAGA
GATTCGTCCAATATTAATGGGACAAGGGCAAAGCTCTCGAATTCTTGCTCGAATCACTTGGATA
TGCTAACTGTACTGATGTCTTTCTGTATATATTGGTGATGATCGAACCGATGAAGATGCTTTCAA
GGTCCTAAGAGAAAGAGATCAAGGTTTTGGCATTCTTGTCTCCAAAACCTCCAAAAGACACACACGC
ATCTTATTCTTTGCAAGAACCATCTGAGGTATGGTGTCTTCTACGACGTTTGGTAGAGTGGAAGAAA
GTTGTCAATTAAGAAGACAATTTGCAATTCGAAGACAAATTGAGGAGATGAAAGCATCTCTAAGGAA
CTAAGAATTTGTCCAAAGTGAATATGGACTTAATGATGCATATAATGTATTTTCTTTTATCAAAT
ATAACAAAGAAGTATTAAGAAAGAAAAGGTAAGAAAGAAATTAAGAGCTTTTTTTTTTATCCTTT
TCTCTTTGGCTTTAAGGCCTTGACATCTTTGTAATTTTCCAGTCTTGCCTAAATGCATATAATG
GAAGTTCTCTCTC

SEC ID Nº: 86, proteína – Solanum tuberosum

MRASSPTHKSSPALSDDLNSWMVQHPSALDMFEQIIISASKGKQIVMFLDYDGTLSPIVEDPDQAF
MSDAMRATVRKLARYFPTAIVSGRCRDKVYSFVRLAELYAGSHGMDIKGPSKGSKYKKGAAQAVLF
QPASEFLPMIDEVYKLVDTIKSTEGVRVENNKFCASVHFRVDEKKWGELAQVVRVSLKEYPKLR
LTQGRKVLIRPTIKWDKGKALEFLLES LGYANCTDVFPVYIGDDRTDEDAFKVLRRERDQGFILV
SKTPKDTASYSLQEPSEVMVFLRLVWVKLSLRRQFRIRRQIEEMKASLRN

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 87, ADN – *Triticum aestivum*

CCACGCGTCCGTTTCCTCTTCACTGTCTCTTCTCCTTTTCTGCCTTCCAACCAAAGCCCCATCCCT
 TGATTCGATCGATCGGGATCCTCCTCTCGCGCGCTTCTAGGACCTGCCCCCTCGAAGCTTCTCCTTC
 TCCTTGGACCCGTGCTTGGTATGGCGCAGACGACTGTGGTGGTGCCGGAGGTGGGCATGACGGCTG
 CCACGCCCCTGCGTGCCCCCTGCCCTGGGTGCTGTTCCCGTACCCGCCGCGCGCTGCCGGGATGG
 CCGTGAGCCGCAAGTGCTGCGGGCGCGCAGGCGGAGCTTGGCGCGGGGATGCTCAGTGGCCTGG
 TCGAGTCCATGCGGGCGTCTCCCCACGCACGCCAGGGCCGCCGCCCTCGCCGCCGGCGTGG
 ACGACGAGCAGCCGCCTGGATGGCAAGGCACCCGTCCGCCCTGGGAAAGTTCGAGGAGATCGTGG
 CCGCGTCCAAGGGGAAGCAGATCGTCATGTTTCTGGACTACGACGGCACGCTGTCCCCCATCGTCG
 ATGACCCCGACGCCGCCTTCATGAGCGAGACGATGCGGATGGCAGTGCGCAGCGTGGCCAAGCACT
 TCCCGACGGCGATCGTGAGCGGTGCGTGCCGCGACAAGGTGTTTGAGTTCGTGAAGCTGGCGGAGC
 TCTACTACGCCGCGAGCCACGGCATGGACATCAAGGGCCCGGCCAAATCCTCAAAGTCCAAGGCCA
 AAGGAGTTCTCTTCCAACCAGCAAGCGAGTTCTTCCCATGATAGAAGAGGTGCATCAGCGGCTGA
 TAGAGGAGACGAAGCACGTAGCCGGGGCCAAAGGTGGAGAACAAAGTTCTGCGTGTCCGTCCACT
 TCAGATGCGTCGACGAAAAGAGCTGGGGCGCGCTGGCGGAGACGGTGAAGGGCGTGATGCGGGAGT
 ACCCGAAGCTGCGCATGTGCGCAGGGGCGGATGGTGTTCGAGGTGCGGGCCACCATCAAGTGGGACA
 AGGGCAAGGCCCTCGAGTTCTTGTCTGAGTCTGCTGGGCTTCGCCGACTGCCCCAACGTGCTCCCCG
 TCTACATCGGCGACGACCGCACCGACGAGGACGCCTTCAAGGTGCTGCGCCGGCGGGGCCAGGGCG
 TCGGGATCCTCGTCTCCAAGCACCCCAAGGACACCAGCGCCTCCTTCTCGCTGCAGGAGCCGGCCG
 AGGTTCATGGAGTTCTTGTCTCCGCCTCGTCGAGTGGAAGCAGCTCTCCAAGGCGCGCCTCAGGCTGC
 GCGGGCAGGCCGACGCCTGATCGGACGACGAGGATCGGGCCGGCCGGCGGGAATGGCCGAACATAAT
 ATTTCACTGCTACGTGTAGCTTAGCTAGTTAATGAAAATCCCCTGCTTGTCTCATCCGAACAAAGCC
 AAAGGCTACGTACGTGGATGGGAAGAAGGAACGTACTACGGCGAACCTGCGGAGCATTGTTGCGCC
 ACATGTTGTGTTCTAATTAACCGTCCTTCTTTTTCTGGGGATGTATACCGTACCTACCGATTATGC
 ATGCATGTAAATTACCTTTGTCCACGTACAAGGGGAGGAACCATGGAATAAACAAAGAGAAACATG
 AGTAAATAGC

SEC ID N°: 88, proteína – *Triticum aestivum*

MAQTTVVVPEVGMATAATPTACPCPGSLFPYPYPPRAGMAVSRKCLRAAQAE LGAGMLSGLVESMRAS
 SPTHARAAAALAAGVDDEHAAWMARHPSALGKFEEIVAASKGKQIVMFLDYDGLTSPIVDDPDAAF
 MSETMRMAVRSVAKHFPTAIVSGRCRDKVFEFVKLAELYAGSHGMDIKGPAKSSKSKAKGVLFQP
 ASEFLPMIEEVHQRLIEETKHVAGAKVENNKFVSVHFRVDEKSWGALAETVKGVMREYPKL RMS
 QGRMVFEVRPTIKWDKGKALEFLLES LGFADCPNVLVPYIGDDRTDEDAFKVLRRLRGQGVGILVSK
 HPKDTASFSLQEPAEVMEFLRLVLEWKQLSKARLRLRRQADA

SEC ID N°: 89, ADN – *Zea mays*

ATGACGAAGCACGCCGCCTACTCCAGCGAGGACGTGGTTCGCGGCCGTGGCGGCGCCGGCGCCGGCC
 GGCCGGCATTTCACGTGCTTCCAGGCGCTGAAGGGCGCGCCCCCTCGACTGCAAGAAGCACGCCGCC
 GTGGACCTGTCCGCGTCCGGGGCGGCCGTGCTGGGCGGCGGCCCTGGTTTGAGTCCATGAAGGCT
 TCGTCGCCGCGGCGCGCCGCCGACGCCGAGCACGGCGACTGGATGGAGAAGCACCCGTCCGCATTG
 GCCCAGTTTCGAGCCGCTGCTTGCCGCCGCCAAGGGGAAGCAGATCGTGATGTTTCTGGACTACGAC
 GGCACCTGTACCGATCGTCGAGGACCCCGACCGCGCCGTGATGTCGAGGAGATGAGAGAAGCC
 GTGCGGCGCGTCGCCGAGCACTTCCCCACCGCGATTGTGAGCGGAAGATGCAGGGACAAGGTGCTC
 AACTTCGTGAAGCTGACGGAGCTGTACTACGCCGGGAGCCATGGCATGGACATCCAGGGCCCCGCC
 GCCTGCAGGCAGCCCAACCACGTCCAGCAGGCTGAAGCCGAGCTGTCCATTACCAAGCTGCGAGT
 GAGTTCTTCCGGTTCATCGAAGAGGTGTTCCGCACGCTGACGGCCAAGATGGAGTCCATCGCCGGC
 GCCAGGGTGGAGCACAAAGTACTGCCTGTCCGTCCACTTCCGCTGCGTCCGGGAGGAGGAATGG
 AATGCCGTGAACGAGGAGGTGAGTTCGGTGTCTAGGGAGTACCCGAACCTCAAGCTCACTCACGGC

Figura 8 (continuación)

AGAAAGGTGCTGGAGATTCTGTCCTCCATCAAGTGGGACAAGGGCAAGGCCCTCGAGTTCTTGCTC
AAGTCTCTTGGCTATGCTGGGCGCAACGACGTCTTCCCGATTTACATCGGAGATGATCGCACTGAC
GAGGACGCTTTCAAGGTGCTCCGCAACATGGGGCAGGGCATCGGAATCCTGGTGTCCAAGCTTCTT
AAGGAGACGGCGGCATCCTACTCGCTGAGTGACCCTGCCGAGGTCAAGGAGTTCTTCCGCAAGCTG
GCCAATAAGAAGGGGGCGCGCCAACCATGA

SEC ID Nº: 90, proteína – Zea mays

MTKHAAYSSSEDVVAVAAPAPAGRHTSFQALKGAPLDCKKHAAVDLSASGAAVVGGGPWFESMKA
SSPRRAADAEHGDWMEKHPSALAQFEPLLAALKGKQIVMFLDYDGTLSPIVEDPDRAVMSEEMREA
VRRVAEHFPTAIVSGRCRDKVLNFVKLTLEYAGSHGMDIQGPAACRQPNHVQQAEEAAVHYQAAS
EFLPVIEEVFRTLAKMESIAGARVEHNKYCLSVHFRCVREEEWNNAVNEEVRSVLREYPNLKLTHG
RKVLEIRPSIKWDKGKALEFLKSLGYAGRNDVFPIYIGDDRTDEDAFKVLRNMQGIGILVSKLP
KETAASYSLSDPAEVKEFLRKLANKKGARQP

SEC ID Nº: 91, ADN – Zea mays

ATGACGAAGCGCACCGCCTTCGCCGCGGACGACGCGATCATCGCCGCCGCCGCCGCCGTCACGTCG
CAGCCCGGCCGCGGTTTACGTCGTACCCGCCGCGAGGGCGCGCGCGGATGCAGGCTGGCCCCG
GCGGCGCGCGCGCGCCAGGCCACGGACGACCCCGCGCGCGCTGGGTCTGGCCAGAAGTAGTCGTG
CCGCGGCACGCCGACTTCGACGACTGGATGGAGAAGCACCCTCGGCATTGGCCGCGTTCGAGTCG
GTGCTGGCCGCCGCCAAAGGCAAGAAGATCGTCATGTTCTCTCGACTACGACGGCACCCTGTGCGCG
ATCGTCAGGGACCCCGACAGCGCCGTATGTCCGAGGAGATGCGGGACGCGGTGAGAGGCGTGGCC
GAGCACTTCCCGACGGCGATCGTGAGCGGGAGGTGTAGAGACAAGGTGTTCAACTTCGTGAAGCTG
GCGGAGCTGTACTACGCCGGGAGCCACGGCATGGACATCAAGGGCCCCACAGCACAGTCCAAGCAC
ACCAAGGCAAAGGCCGAGCCGTTCTATGCCAACCTGCGAGGGCGTTCCTGCCGGTCATTGAGGAG
GTGTACCGCGCGCTGACGGCGAGCACGGCGCCGATCCCCGGCGCGACGGTGGAGAACAACAAGTTC
TGCCTCTCCGTCCACTTCCGCTGCGTCCAGGAGGAGAAATGGCGCGCTCTGGAGGAGCAGGTCCGG
TCGGTGCTCAAGGAGTACCCGGACCTCCGCCTACCAAGGGCAGGAAGGTCTCTGAGATCCGGCCG
TCCATCAAGTGGGACAAGGGCAACGCCCTGCAGTTCTTGCTCGAGTCTCTCGGTTTTGCTGGCAGT
AACAGTGTCTTCCCGATATATATCGGAGACGATAGCACCGACGAGGACGCGTTCAAGGTCTCTGCGC
AACTTGGGGCAAGGGATCGGGATCCTGGTGAGCAAGATTCCGAAGGAGACCCGCGCATCCTACTCC
CTGCGTGAACCTTCTGAGGTGGAGGAGTTCCTGCGCAAGTTGGTCAGCTGGTCCAAGGAGAGCAGG
CAACGGGACT

SEC ID Nº: 92, proteína – Zea mays

MTKRTAFAADDAIIAAAAVTSQPGRRFTSYPPARARGGCR LAPAAAAARQATDDPGAAGSWPELVV
PRHADFDWMEKHPSALAAFESVLAAAKGKKIVMFLDYDGTLSPIVRDPDSAVMSEEMRDAVRGVA
EHFPTAIVSGRCRDKVFNFKLAELYAGSHGMDIKGPTAQSKHTKAKAGAVLCQPARAFLPVIEE
VYRALTA TAPIPGATVENNKFCLSVHFRCVQEEKWRAL EEQVRSVLKEYPDLRLTKGRKVLEIRP
SIKWDKGNALQFLLES LGFAGSNSVFPIYIGDDSTDEDAFKVLRNLGQGIGILVSKI PKETRASYS
LREPSEVEEFLRKLVSWSKESRQD

SEC ID Nº: 93, dominio de Trehalosa Ppsa consenso

XLDYDGTLSXIXXXPXXAXXSXXXLXXXLXXLASXXXXXXVXIVSGRXXXXLXXXXXXXXXXXXXXXXX 6
VXXLXLAAEHGXXIRXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXLWXXXVXXILXXXXEXT 4
PGSXIEXXXALAWHYRXADXXXXXXXXAXXVXXLXXXXXXXXXXLXVXXGXVVEVRPXXXVXKGX 3
ALXXILXXLXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXVLXIGDDXXTDEDMFXXIXXXXXXXXXXXXXXXXXILV 4
XXXXXXTXAXXXL 10

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 94, dominio de Trehalosa Ppasa en SEC ID N°: 2

GKQIVMFLDYDGTLSPIVEDPDKAFITHEMREVVKDVASNFPTAIVTGRSIEKVRSEFVQVNEIYYA
GSHGMDIEGPTNENSNGQSNERNVLFQPARREFLPMIEKVVNILEEKTWIPGAMVENNKFCLSVHFR
RVDEKRWPALAEVVKSVLIDYPKLKLTOGRKVLEIRPTIKWDKGQALNFLKSLGYENSDDVPVY
IGDDRTDEDAFKVLRERGGQFGILVSKVPKDTNASYSLQDPSQVNFLERLVE

SEC ID N°: 95, dominio rico en serina

RXXSWVDSMRASSPTXXKS

SEC ID N°: 96, caja de Fosfatasa B

GDDRTDQDAF

SEC ID N°: 97, caja de Fosfatasa A

LDYDGTLSPIVD

SEC ID N°: 98, ADN – Oryza sativa – promotor GOS2

AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTACCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAATAT
AAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATACTAGAACTATGCAAGAAAACTCATCCACCTACT
TTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTCGTTTTCTTAGTAATTAAGT
GGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTACATCTCTGTCATGAAGTTAAATTATTCG
AGGTAGCCATAATTGTCATCAAACCTCTTCTGAATAAAAAATCTTTCTAGCTGAACTCAATGGGT
AAAGAGAGAGATTTTTTTTTAAAAAATAGAATGAAGATATCTGAACGTATTGGCAAAGATTTAAA
CATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTGTCATATCGCACATCATTAAGGACATGTCTTA
CTCCATCCCAATTTTTATTTAGTAATTAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTTCG
ATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCTCAAT
ACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGCAATATC
TGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCCTTTTAATAATATCTAAAATACAAAAAATAATTTT
ACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTTCACATACAAAAAAGAAATTT
TTGCTCGTGCAGCGAGCGCCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAGTGGCTGCCCCA
GAACAACCCACAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAACCTTTTAACAGCAG
GCTTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGGCAAGAAAACCAAGCATCCTCCTCCTCCCATCTATAA
ATTCTCCTCCCCCTTTTCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAGAAGAGGGAGAGCACCAG
GACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTTCGATCCATATCTTCCGGTCGAGTTCTTGG
TCGATCTCTTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCCTTCGGTTGTTCTTGGATTAT
TGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAGGGGATCTGTATCTGTGATGATTCTTG
TTCTTGGATTTGGGATAGAGGGTTCTTGATGTTGCATGTTATCGGTTTCGGTTTGATTAGTAGTAT
GGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAATGAAATGGTTTAGGGTACGGAATCTTGCGATTTT
GTGAGTACCTTTTGTGTTGAGCTAAATCAGAGCACCGGTGATTTTGCTTGGTGTAATAAAGTACG
GTTGTTTGGTCCCTCGATTCTGGTAGTGATGCTTCTCGATTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCC
CTATTGAACAAAAATAATCCAACCTTTGAAGACGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTA
AGCCTGTCCAAAATTTGCGAGCTGGCTTGTTTAGATACAGTAGTCCCCATCACGAAATTCATGGAA
ACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGATTCCCTGTTCTTCCGATTTGCTTTAGTCCCAGAATTTTT
TTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCACTTTCTGGTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGC
TTTTATAGCGTTATCCTAGCTGTAGTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGAA
GAACTTATCCGATTTCTGATCTCCATTTTTAATTATGAAATGAACTGTAGCATAAGCAGTATTC
ATTTGGATTATTTTTTTTATTAGCTCTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAC
TGTCTCAATTTTGTGTTTCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTTGTATCTACCTGTA
GAAGTTTCTTTTGGTTATTCTTGGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGG
GATAGTTATACTGCTTGTCTTATGATTCAATTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTT
TCACCAGCAAAGTTC

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 99, cebador prm05451
GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGACTAACCAGAATGTCATC

SEC ID Nº: 100, cebador prm05452
GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTTGTAATTATGTTGCATGTCTT

SEC ID Nº: 101, cebador prmAtTPPA-5
GGAAGATCTATGGACATGAAATCTGGTCACTC

SEC ID Nº: 102, cebador prmAtTPPA-3
AAGGCCTACCCATTGATCTCTTCCATGTCA

SEC ID Nº: 103, cebador prmAtTPPB-5
GGAATTCATGACTAACCAGAATGTCATCGTT

SEC ID Nº: 104, cebador prmAtTPPB-3
AAGGCCTCTCTTCTCCCACTGTCTTCCTC

SEC ID Nº: 105, cebador prmAtTPPC-5
CGGGATCCATGAAGATTACGGATATTTCCGG

SEC ID Nº: 106, cebador prmAtTPPC-3
AAGGCCTTTCTCCAAGTGTTTGTTTCTTCC

SEC ID Nº: 107, cebador prmAtTPPD-5
CGGGATCCATGACAAACCATAATGCCTTAATC

SEC ID Nº: 108, cebador prmAtTPPD-3
AAGGCCTTCTTCTCTTAGTGACATTTGTTTC

SEC ID Nº: 109, cebador prmAtTPPE-5
CGGGATCCATGTTTCGAAGAAATACTTCATAAATC

SEC ID Nº: 110, cebador prmAtTPPE-3
AAGGCCTTGCCCCACACCTTGACTGTTTC

SEC ID Nº: 111, cebador prmAtTPPF-5
CATGCCATGGATTTAAACTCAAACCACAAATC

SEC ID Nº: 112, cebador prmAtTPPF-3
TCCCCCGGAAAACCAGTAGAATTCTTCTCCAAC

SEC ID Nº: 113, cebador prmAtTPPG-5
CATGCCATGGATTTGAATATAAACAAGACGAC

SEC ID Nº: 114, cebador prmAtTPPG-3
AAGGCCTAAACTTGTTTTTGAACCTTCCATCTTC

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 115, cebador prmAtpPH-5
CGGGATCCATGGTTAGATTCATAGAAGAAAACAC

SEC ID N°: 116, cebador prmAtpPH-3
AAGGCCTTGCTCCAGATCTCAATTGTTTCC

SEC ID N°: 117, cebador prmAtpPI-5
CGGGATCCATGTCAGCTAGTCAAAACATTGTC

SEC ID N°: 118, cebador prmAtpPI-3
AAGGCCTCATCTTGGCTGCATTTGTTTCC

SEC ID N°: 119, cebador prmAtpPJ-5
CGGGATCCATGGTGAGCCAAAACGTCGTCC

SEC ID N°: 120, cebador prmAtpPJ-3
AAGGCCTTGCTGCATCTGTTTCCACTCC

SEC ID N°: 121, ADN – Glycine max
CTCTTCTCTTCTCTTCACTTTGATTTTCATTGCAATTACCTCTTTTTGTTGGGATCTTCTTCCCTTC
TCTGTTCTAAAAAAGAACACGGCTGATCTGGGCTCGACTAAAACAAATCACTAAGTAAAAATGACG
CAGAATGCGATAGTGTCGAAGACAAAATCGGGGATCAACCGGGACATAACCGTGCCACAAAAGCCA
CTGGCGGGCGGGCGGGCGGGGGGGGTACATTCCCATTCCGAGGAGGAGGGTTTTGAAGAACCCTG
GAAATCAATGCATGGGTTGATTCCATGAGATCCTCTTCTCCAACCAATTCCAAATCCACCTCTTCT
CTCGCAGAAGAACACAGCACTTGGATTCTTCGCCACCCCTCAGCATTAGACATGTTTCGAGCAAATT
ATGGATGCGTCCCGGGGAAAGCAAATTGTCATGTTTCTCGACTATGATGGTACTTTGTCGCCTATT
GTTGATGACCCAGACCGTGCTTTTCATGTCGGATTTCGATGAGGAGAACGGTGAGGAACTTGCAAGG
TGTTTTCTACTGCTATAGTTACCGGCAGATGCAAAGACAAGGTTTACAATTTTGTTTCGCTTGGCT
GAGCTATATTATGCTGGAAGCCATGGCATGGATATTCAGGGCCAACAAGAGACTGCAAATACAGC
AAAGACAAAGGAGAGCCAGTTCTTTTTCAACCTGCCAGTGAATTTCTTCCCATGATTGATGAGGTG
TACCATCAATTAGTTGAGAAAATGAAATCAATTCCTGGAGCCATGGTGGAGAACAAACAGTTCTGC
TGTTCTGTTCAATTTTCGCTGCGTTGATGAAAAGAAATGGAGTGAAGTGGCACAGGAAGTGAGATCA
GTATTAAGAGTACCCGAAGCTTCGCTCTTAACCAAGGAAGGATTTAGAGATTTCGTCCATCT
ATTAAATGGGACAAAGGGAAGGCGCTGGAATTTTGTAGAGTCACTTGGATTGCCAACTGTAAC
GATGCTTTCTGTTTACATTGGAGATGATAAACCGATGAAGATGCATTCAAGAAATTAAGAGAC
AGAGGACAAGGTTTTGGGATTCTTGCTCTGAAATTTCCAAAGGACACTACTGCATCATACTCTTTA
CAAGAACCAACGAGGTGATGGATTTCTTCAACGTTTGGTGGAGTGGAAACAAGTATCCCTCCGA
CTCAGAACACGTTCTCGGGTGTAATGGATAGAATGATAATGTACATCCCTACCCTGCCATAAAAA
ATGGAGTTCAGCTAGGGTAGCATATAGGACCCTTTTTTCTATGTTTTGTTTCAGATTAGAACAGAGA
ACAAAAATGTATGGAAAAAGGAAAGACAAAAGTGTCTTTCTGAGTTTGAAGCACGTCTACATGGAT
GTAATTAGCCACGTAGTTTTTTGTAGTACAGGGGAAACGTCTCTGTTGCATCAAATGTAATTCTGAA
TGGAAAATAACATGTTACGTATCGAAAAATATATATTATTGT

SEC ID N°: 122, proteína – Glycine max
MTQNAIVSKTKSGINRDIIVPQKPLAAAAAAGGYIPIPRRRVLKNLEINAWVDSMRSSSPTNSKST
SSLAEHSTWILRHPSALDMFEQIMDASRGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDRAFMSDSMRRTVRKL
ARCFPTAIVTGRCKDKVYNFVRLAELYYAGSHGMDIQGPTRDCKYSKDKGEPVLFQPASEFLPMID
EVYHQLVEKMKSI PGAMVENNKFCSSVHFRCVDEKKWSELAQEVRSVLKEYPKLRLNQGRKVLKIR
PSIKWDKGKALEFLLES LGFANCNDVFPVYIGDDKTDEDAFKKLDRGQGFILVSKFPKDTTASY
SLQEPNEVMDFLQRLVEWKQVSLRLRTRSRV

Figura 8 (continuación)

SEC ID N°: 123, ADN – Glycine max

ACGGCTGATCTGGGCTCGACTAAAAACAAATCACTAAGTAAAAATGACGCAGAAATGCGATAGTGTCC
 AAGACAAAATCGGGGATCAACCGGGACATAACCGTGCCACAAAAGCCACTGGCGGGCGGGCGGGCG
 GCGGGGGGGTACATTCCCATTCCGAGGAGGAGGGTTTTGAAGAACCCTGGAAATCAATGCATGGGTT
 GATTCCATGAGATCCTCTCTCCAACCAATTCCAAATCCACCTCTTCTCTCGCAGAAGAACACAGC
 ACTTGATTCTTCGCCACCCCTCAGCATTAGACATGTTTCGAGCAAATTATGGATGCGTCCCGGGGA
 AAGCAAATTGTCATGTTTCTCGACTATGATGGTACTTTGTGCGCTATTGTTGATGACCCAGACCGT
 GCTTTCATGTCGGATTGATGAGGAGAACGGTGAGGAACTTGCAAGGTGTTTTCTACTGCTATA
 GTTACCGGCAGATGCAAAGACAAGGTTTACAATTTTGTTCGCTTGGCTGAGCTATATTATGCTGGA
 AGCCATGGCATGGATATTCAAGGGCCAACAAGAACCCTCCAAATACAGCAACAAAGATAAAGGAGAG
 CCTGTTCTTTTTCAACCTGCTAGTGAATTTCTTCCCATTGATTGATGAGGTGTACCATCAATTAGTT
 GAGAAAATGAAATCAATTCCTGGAGCCATGGTGAGAGAACAACAAGTTCTGCTGTTCTGTTCATTTT
 CGCTGCGTTGATGAAAAGAAATGGAGTGAACCTGGCACAGGAAGTGAGATCAGTATTTAAAGAGTAC
 CCGAAGCTTCGTCTTAACCAAGGAAGGAAGGTATTAGAGATTCGTCCATCTATTAATGGGACAAA
 GGAAGGCGCTGGAATTTTTGTTAGAGTCACTTGGATTTGCCAACTGTAACGATGTCTTTCCTGTT
 TACATTGGAGATGATAAAACCGATGAAGATGCATTCAAGAAATTAAGAGACAGAGGACAAGGTTTT
 GGGATTCTTGTCTCGAAATTTCCAAAGGACACTACTGCATCATACTCTTTACAAGAACCAAACGAG
 GTGATGGATTTCTTCAACGTTTGGTGAGTGGAACAAGTATCCCTCCGACTCAGAACACGTTCT
 CGGGTGTAATGGATAGAATGATAATGTACATCCCTACCCTGCCATAAAAAATGGAGTTCAGCTAG
 GGTAGCATATAGGACCCTTTTTCTATGTTTTGTTTCAGATTAGAACAGAGAACAAAATGTATGGA
 AAAAGGAAAGACAAAAGTGTCTTCTGAGTTTGAAGCACGTCTACATGGATGTAATTAGCCACGTA
 GTTTTTGTAGTACAGGGGAAACGTCTCTGTTGCATCAAATGTAATTCTGAATGGAAAATAACATGT
 TACGTATCGAAAAATATATATTATTGTATACTCTCTTAAGAAAAA

SEC ID N°: 124, proteína – Glycine max

MTQNAIVSKTKSGINRDIIVPQKPLAAAAAGGYIPIPRRRVLKNLEINAWVDSMRSSSPTNSKST
 SSLAEHSTWILRHPSALDMFEQIMDASRGKQIVMFLDYDGTLSPIVDDPDRAFMDSMRRTVRKL
 ARCFPTAIVTGRCKDKVYNFVRLAELYAGSHGMDIQGPTRTSKYSNKDKGEPVLFQPASEFLPMI
 DEVYHQLVEKMKSIPGAMVENNKFCSSVHFRCVDEKKWSELAQEVRSVLKEYPKLRLNQGRKVLFI
 RPSIKWDKKGKALEFLLES LGFANCNDVFPVYIGDDKTDEDAFKKLDRGQGFILVSKF PKDTTAS
 YSLQEPNEVMDFLQRLVEWKQVSLRLRTRSRV

SEC ID N°: 125, ADN – Glycine max

TTCCCGGCCCTCACTCACCCCTCCCTTTTATTTCCATTATTATTCTGCCTAAGCAGTTTCTTCCAAA
 CTTCCTTTTACATTTCCAATTTCTCTATTCTATCAAAAGGGTTTGAACCTTGAAGGGAAAGGAAGA
 AAGATATGATGACGAACCAAAATGTGGTGACTCATGAGGTTATTAACACGTTGATTGCCGTGGCAG
 CTTCATTTTCAAACCTCAACCGCGTTGCCAAGTGCAACAGTGCCAGAATCCATGGCTGTGCTTGGTG
 GGTTTTGGGGGCTGCCCCATAATAAAAATCTTGTGAAAAGGTTGGAAGGAGCTAAAGTTAGTGCTT
 GGATTGATTCAATGAGAGCTTCTTCCCCAACTCGTGCCAAATCAGAAAGCCAAGAAAAAAGATCTT
 GGATTCTTTATCACCCCTTCAGCTCTGAACACGTTTGAGCAAATAGTATGTAGTGCCAAAGGAAAGC
 AAGTCGTAGTTTTTCTTGACTACGATGGAACCTCTCTCCCCAATTGTTGCAGATCCGGATAAAGCTT
 TCATGACTAGAAAGATGAGAGCAACGCTAAAGGGCATAGCAAGGCATTTTCCACAGCAATAGTGA
 CCGGAAGGTGCAGAGACAAGGTATATAACTTTGTAAAATTGGCAGAACTTTACTATGCCGGAAGCC
 ATGGCATGGACATCAAGGGTCCAACAAAAAGCCAAAGTCCAAGCAAGGTAATAATAATAAAGCAG
 TGCTGTTCCAACCCGCGAGTCAATTCTTGCCAATGATCGATGAGGTGTACAAGATCTTGTTAGAAA
 AAACAAAGACTGTCCCAGGGGCTAATGTTGAGAACAATAAGTTTTGCTTGTCCGTGCACTTTTCGTT
 GTGTTGACGAAAAGAGTTGGGCAGCGTTGGCGGAGAAAGTTAGATTGGTGCTCAATGATTACCCAC
 AACTTAGGCTAACCAAGGGAGAAAAGTGCTAGAGATTCGTCCAACCATCAAATGGGACAAGGGCA

Figura 8 (continuación)

AGGCTCTTGAATTTTTGTTAGAATCATTAGGATACGAGAATTCGAATGATGTATTTCCAATATATA
TTGGTGATGATCGAACTGATGAGGATGCTTTTAAGGTTTTGCGCAGTAGGGGTCAAGGAATTGGGA
TTCTTGTTTTCTAGAGTTGCAAAAGAAACAGATGCTTCCTATACCTTGCAAGATCCATCAGAGGCAA
GTGCTATATATTCCATCCAGTACAATTTATTCTATATAATATTTTTAATGTTTAATTTCGGGCATCA
ATGTTGTATATCTTTATTGTGAATGGTGAATCTGAGAAATATATAATGTAATTAATTAACAAATAT
CTTTATGGCCACATTTACAGGTTGAGCAATTCCTTGCGGCGTCTGGTGGAGTGGAAGACCGAGTA
CTGTGACTCCCACAAGTGTATAGAGAGTTTGTAGAATGTAGATGATCACTTCAAAGAATTGACACC
ACCACCACCTTAGAATGGTGAAGAGGTTGGATCGAATTGTATCACTTTTTTTTTATTGTTGAAAATGG
AAATAGCACTATTCCATAATTTAAATTTATTAAGGACAAAGTCCGAACAAATAGATTCCCTACACAC
GTTTGCATGCGCATGCGGATAGGGAAAGGCAGATGTTTTATGCCGAGTTGCAAATGGCCCGTCAA
CTTTGTTGCTAAGAATTGTACTTATCGTACATGTGGCCAATATATTCTGAAAAAGATTACTACGAA
AAAAAAAAAAAAA

SEC ID Nº: 126, proteína – Glycine max

MMTNQNVVTHEVINTLIAVAASISNSTALPSATVPESMAVLGGFWGLPHNKNLVKRLEGAKVSAWI
DSMRASSPTRAKSESQEKRSWILYHPSALNTFEQIVCSAKGKQVVFLDYDGTLSPIVADPDKAFM
TRKMRATLKGIAHFPTAIVTGRCDKVNFKLAELYAGSHGMDIKGPTKSQSPKQGNNAKAVL
FQPASQFLPMIDEVYKILLEKTKTVPGANVENNKFCLSVHFRVDEKSWAALAEKVRLVLDYDQ
RLTQGRKVLIRPTIKWDKGKALEFLLES LGYENSNDVFPYIYIGDDRTDEDAFKVLRSRGQIGIL
VSRVAKETDASYTLQDPSEASAIYSIQYNLFYIIFLMFNSGINVVYLYCEW

SEC ID Nº: 127, ADN – Brassica napus

TTAACTTCTGCCTCGCTCTCGTTCTCAACACTTGTGAGAAATATGATGAACCAGAATGTCATCGT
CTCCGACAGAAAAGCCATCTTGGGTTGCAAAACCATCACTGTCTCTAACTCTCCCCTGTTCTCTTC
TCCTCCCACTTACTTTACCTTTCTCGTCATAAGTTCTTGGAGCTTCTCGAAGCAGCCGATAAAAA
CAGCAACAGCATCAACAAGAACAATCTTGGTGCTGGTAAGATTGCATCTTGGGTCGATTCCATGCG
TGATTCTTCTCCTACACGTCTCAGACCTCTTCACGTGACTCTGTGTGAGACAACGACCATAAAAC
ATCTTGGATCGTTTCGATTTCCATCGGCTTTAAATATGTTTGATGAGATTGTGAATGCTGCAAAAGG
GAAACAAATTGTTATGTTTCTTGATTACGATGGGACGCTCTCTCCCATAGTTGAAGATCCTGACAA
AGCTTACATAACACATGAGATGCGAGAAGTTGTAAAGAATGTGGCTCTAACTTCCCAACTGCTAT
AGTCACTGGAAGATCCATTGATAAGGTTTCGTGGTTTTGTCAAACCTCGATGAGATTTACTACGCTGG
AAGCCATGGCATGGACATTGAAGGCCCGACCAGCGAATATGCTTATGGTGGCGAGAGTAATCAAGG
AGTGCTCTTTCAACCTGCTCGTGAATTTGTACCCACGATCGAGAAGGTGTATAAGATATTAGAGGA
AAAGACTAAATGGATCCCTGGGGCTATGGTGGAGAACAAAGTTTTGTCTGTCCGTACATTTTCG
ACGTGTTGATGAGAAAAGATGGGCCGATTAGCCGAACAAGTAAATCAGTTCTAATTGATTATCC
ACAGCTGAAACTAACCCAAGGTAGAAAGGTGCTTGAAATCCGTCCTACGATCAAATGGGACAAGGG
CCAGGCTCTCAATTTTTTGCTAAAATCATTAGGGTTTGAAAAGTCGGAAGATGTTGTTCTGTGTA
TATTGGAGATGACCTCACCGACGAAGATGCGTTTAAGGTTTTACGTGAGCGGGGACAAGGTTTTGG
GATTCTAGTCTCAAAAGTTCCAAAGGAAACCAATGCCTCTTACTCTCTCCAAGACCCTTCTCAGGT
TAATGAGTTTTCTGAGGCGTTTAGTAGAGTGGAGAGGAAGACAGTCGGGGAAGCTTGAAAAACAAA
CATGCAACATTAATAACACCTGAGTTTATTTTATAAATCTTGAGGAGAAAATAATCGGTATATATA
GACAACCTTCTAAAAAACTAGTACTAGTACTAGATTTCGTAGAGGGTGTTTTTTTTGGAACTTTACCT
AGAGAGGTGTCTTGGCCAGAAGCATCTTTACTTTTCTACATCGATCGAGAAATTGTAAATTTCTGT
TAACGATTGAGAAAATGAAGAAAACACAATAATATCATTTCCACGCAAAAAAAAAAAAAA

Figura 8 (continuación)

SEC ID Nº: 128, proteína – Brassica napus

MMNQNVIVSDRKAILGSKTITVSNSPLFSSPPTYFTFPRHKFLELLEAADKNSNSINKNNLGAGKI
ASWVDSMRDSSPTRLRPSSRDSVSDNDHKTSWIVRFPSALNMFDEIVNAAGKQIVMFLDYDGTLS
PIVEDPDKAYITHEMREVVKNVALNFPTAIVTGRSIDKVRGFVKLDEIYYAGSHGMDIEGPTSEYA
YGGESNQGVLFQPAREFVPTIEKVYKILEEKTWIPGAMVENNKFCLSVHFRRVDEKRWAGLAEQV
KSVLIDYPQLKLTQGRKVLIRPTIKWDKGQALNLLKSLGFSEKSEDVVPVYIGDDLTDDEDAFKVL
RERGQGFILVSKVPKETNASYSLQDPSQVNEFLRRLVEWKRKTVGEA

SEC ID Nº: 129, ADN – Brassica napus

TTAACTTCTGCCTCGCCTCTCGTTCTCAACACTTGTGAGAAATATGATGAACCAGAATGTCATCGT
CTCCGACAGAAAAGCCATCTTGGGTTTCGAAAACCATCACTGTCTCTAACTCTCCCTGTTCTCTTC
TCCTCCCACTTACTTTACCTTTCTCGTCATAAGTTCTTGGAGCTTCTCGAAGCAGCCGATAAAAA
CAGCAACAGCATCAACAAGAACAATCTTGGTGCTGGTAAGATTGCATCTTGGGTCGATTCCATGCG
TGATTCTTCTCCTACACGTCTCAGACCCTCTTACGTGACTCTGTGTCAGACAACGACCATAAAAC
ATCTTGGATCGTTCGATTTCCATCGGCTTTAAATATGTTTGATGAGATTGTGAATGCTGCAAAAGG
GAAACAAATTGTTATGTTTCTTGATTACGATGGGACGCTCTCTCCCATAGTTGAAGATCCTGACAA
AGCTTACATAACACATGAGATGCGAGAAGTTGTAAAGAATGTGGCTCTAACTTCCCAACTGCTAT
AGTCACTGGAAGATCCATTGATAAGGTTTCGTGGTTTTGTCAAACTCGATGAGATTTACTACGCTGG
AAGCCATGGCATGGACATTGAAGGCCCGACCAGCGAATATGCTTATGGTGGCGAGAGTAATCAAGG
AGTGCTCTTTCAACCTGCTCGTGAATTTGTACCCACGATCGAGAAGGTGTATAAGATATTAGAGGA
AAAGACTAAATGGATCCCTGGGGCTATGGTGGAGAACAACAAGTTTTGTCTGTCCGTACATTTTCG
ACGTGTTGATGAGAAAAGATGGGCCGGATTAGCCGAACAAGTAAATCAGTTCTAATTGATTATCC
ACAGCTGAAACTAACCCAAGGTAGAAAGGTGCTTGAAATCCGTCTACGATCAAATGGGACAAGGG
CCAGGCTCTCAATTTTTTGTAAAATCATTAGGGTTTGAAAAGTCGGAAGATGTTGTTCTGTGTA
TATTGGAGATGACCGTACCGACGAAGATGCGTTTAAGGTTTACGTGAGCGGGGACAAGGTTTTGG
GATCTAGTCTCAAAAGTTCCAAAGGAAACCAATGCCTCTTACTCTCTCCAAGACCCTTCTCAGGT
TAATGAGTTTCTGAGGCGTTTAGTAGAGTGGAAGAGGAAGACAGTCGGGGAAGCTTGAAAAACAAA
CATGCAACATTAATAACACCTGAGTTTATTTTATAAATCTTGAGGAGAAAATAATCGGTATATATA
GACAACCTTCTAAAAAACTAGTACTAGTACTAGATTTCGTAGAGGGTGTTTTTTTTGGAACTTTACCT
AGAGAGGTGTCTTGGCCAGAAGCATCTTTACTTTTCTACATCGATCGAGAAATTGTAAATTTCTGT
TAACGATTTCAGAAAATGAAGAAAACACAATAATATCATTTCCACGCAAAAAAAAAAAAAAAAAA

SEC ID Nº: 130, proteína – Brassica napus

MMNQNVIVSDRKAILGSKTITVSNSPLFSSPPTYFTFPRHKFLELLEAADKNSNSINKNNLGAGKI
ASWVDSMRDSSPTRLRPSSRDSVSDNDHKTSWIVRFPSALNMFDEIVNAAGKQIVMFLDYDGTLS
PIVEDPDKAYITHEMREVVKNVALNFPTAIVTGRSIDKVRGFVKLDEIYYAGSHGMDIEGPTSEYA
YGGESNQGVLFQPAREFVPTIEKVYKILEEKTWIPGAMVENNKFCLSVHFRRVDEKRWAGLAEQV
KSVLIDYPQLKLTQGRKVLIRPTIKWDKGQALNLLKSLGFSEKSEDVVPVYIGDDRTDEDAFKVL
RERGQGFILVSKVPKETNASYSLQDPSQVNEFLRRLVEWKRKTVGEA

SEC ID Nº: 131, promotor HMG de Oryza sativa

CATGCGGCTAATGTAGATGCTCACTGCGCTAGTAGTAAGGTACTCCAGTACATTATGGAATATACA
AAGCTGTAATACTCGTATCAGCAAGAGAGAGGCACACAAGTTGTAGCAGTAGCACAGGATTAGAAA
AACGGGACGACAAATAGTAATGGAAAAACAAAAAACAAGGAAACACATGGCAATATAAATGGA
GAAATCACAAGAGGAACAGAATCCGGGCAATACGCTGCGAAAGTACTCGTACGTAAAAAAGAGG
CGCATTTCATGTGTGGACAGCGTGCAGCAGAAGCAGGGATTTGAAACCACTCAAATCCACCACTGCA
AACCTTCAAACGAGGCCATGGTTTGAAGCATAGAAAGCACAGGTAAGAAGCACACGCCCTCGCTC
TCCACCCTCCCACCAATCGCGACGCACCTCGCGGATCGGTGACGTGGCCTCGCCCCCAAAAATA

Figura 8 (continuación)

TCCCGCGGCGTGAAGCTGACACCCCGGGCCCCACCCACCTGTCACGTTGGCACATGTTGGTTATGGT
TCCCGGCCGCACCAAAATATCAACGCGGCGCGGCCCAAAATTTCCAAAATCCCGCCCAAGCCCCTG
GCGCGTGCCGCTCTTCCACCCAGGTCCCTCTCGTAATCCATAATGGCGTGTGTACCCTCGGCTGGT
TGTACGTGGGCGGGTTACCCTGGGGGTGTGGGTGGATGACGGGTGGGCCCGGAGGAGGTCCGGCCC
CGCGCGTCATCGCGGGGCGGGGTGTAGCGGGTGCGAAAAGGAGGCGATCGGTACGAAAATTCAAAT
TAGGAGGTGGGGGGCGGGGCCCTTGGAGAATAAGCGGAATCGCAGATATGCCCCTGACTTGGCTTG
GCTCCTCTTCTTCTTATCCCTTGTCTCGCAACCCCGCTTCCTTCTCTCCTCTCCTCTTCTCTTCT
CTTCTCTGGTGGTGTGGGTGTGTCCCTGTCTCCCCTCTCCTTCCTCCTCTCCTTTCCCCTCCTCTC
TTCCCCCTCTCACAAGAGAGAGAGCGCCAGACTCTCCCAGGTGAGGTGAGACCAGTCTTTTGC
TCGATTCGACGCGCCTTTCACGCCGCCTCGCGCGGATCTGACCGCTTCCTCGGCCTTCTCGCAGG
ATTGAGCC

Figura 8 (continuación)