

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 926 055**

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)
C12N 15/29 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)
A01H 1/08 (2006.01)
A01H 5/00 (2008.01)
A01H 5/06 (2008.01)
A01H 5/10 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **28.08.2015** **PCT/EP2015/001752**
87 Fecha y número de publicación internacional: **03.03.2016** **WO16030019**
96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **28.08.2015** **E 15766043 (2)**
97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **06.07.2022** **EP 3186381**

54 Título: **Generación de plantas haploides**

30 Prioridad:

28.08.2014 EP 14182719
23.12.2014 EP 14004389

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
21.10.2022

73 Titular/es:

KWS SAAT SE & CO. KGAA (100.0%)
Grimsehlstraße 31
37574 Einbeck, DE

72 Inventor/es:

HOUBEN, ANDREAS;
KARIMI-ASHIYANI, RAHELEH;
ISHII, TAKAYOSHI;
STEIN, NILS;
KUMLEHM, JOCHEN;
BOLDUAN, CHRISTOF;
BREUER, FRANK;
KLOIBER-MAITZ, MONIKA;
NIESSEN, MARKUS;
OUZUNOVA, MILENA;
SCHULZ, BRITTA y
WIECKHORST, SILKE

74 Agente/Representante:

SÁEZ MAESO, Ana

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 926 055 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

Generación de plantas haploides

La presente invención se refiere a plantas no transgénicas y transgénicas, preferiblemente plantas de cultivo, que comprenden al menos una mutación que provoca una alteración de un aminoácido dentro del bucle 1 o la hélice $\alpha 2$ del dominio CATD del centrómero de histona H3 (CENH3), que tienen la actividad biológica de un inductor haploide. Además, la presente invención proporciona métodos para generar las plantas de la presente invención.

La generación y uso de haploides es uno de los medios biotecnológicos más poderosos para mejorar las plantas cultivadas. La ventaja de los haploides para los cultivadores es que la homocigosidad puede lograrse ya en la primera generación después de la dihaploidización, creando plantas doblemente haploides, sin necesidad de varias generaciones de retrocruzamiento requeridas para obtener un alto grado de homocigosidad. Además, el valor de los haploides en la investigación y la reproducción de plantas radica en el hecho de que las células fundadoras de los haploides dobles son productos de la meiosis, de modo que las poblaciones resultantes constituyen grupos de diversos individuos recombinantes y al mismo tiempo fijados genéticamente. Por lo tanto, la generación de haploides duplicados proporciona no solo una variabilidad genética perfectamente útil para seleccionar con respecto a la mejora de cultivos, sino que también es un medio valioso para producir poblaciones de mapeo, endogamia recombinante, así como mutantes homocigóticos instantáneos y líneas transgénicas.

Lermontova and Schubert (*Primera edición. Editado por Jiming Jiang and James A. Birchler. 2013 John Wiley & Sons, Inc. Publicado en 2013 por John Wiley & Sons, Inc.*) discuten la regulación de la aparición, la conservación funcional, las interacciones y la aplicación potencial de la variante centromérica histona H3 y sus peculiaridades en las plantas.

Los haploides se pueden obtener mediante enfoques *in vitro* o *in vivo*. Sin embargo, muchas especies y genotipos son recalcitrantes a estos procesos. Alternativamente, los cambios sustanciales de la variante de histona H3 específica del centrómero (CENH3, también llamada CENP-A), al intercambiar sus regiones N-terminales y fusionarlas con GFP ("GFP-tailswap" CENH3), crean líneas inductoras haploides en la planta modelo *Arabidopsis thaliana* (Ravi and Chan, Nature, 464 (2010), 615-618; Comai, L, "Genome elimination: translating basic research into a future tool for plant breeding.", PLoS biology, 12.6 (2014)). Las proteínas CENH3 son variantes de las proteínas histonas H3 que son miembros del complejo cinetocoro de centrómeros activos. Con estas líneas inductoras de haploides "GFP-tailswap", la haploidización se produjo en la progenie cuando se cruzó una planta inductora de haploides con una planta de tipo salvaje. Curiosamente, la línea inductora haploide se mantuvo estable tras la autofecundación, lo que sugiere que una competencia entre el centrómero modificado y el tipo salvaje en el embrión híbrido en desarrollo da como resultado la inactivación del centrómero del progenitor inductor y, en consecuencia, la eliminación del cromosoma uniparental.

Como resultado, los cromosomas que contienen la proteína CENH3 alterada se pierden durante el desarrollo embrionario temprano, lo que produce una progenie haploide que contiene solo los cromosomas del progenitor de tipo salvaje.

Por lo tanto, pueden obtenerse plantas haploides cruzando plantas transgénicas "GFP-tailswap" como inductoras de haploides con plantas de tipo salvaje. Sin embargo, como se describió anteriormente, esta técnica requiere cambios sustanciales de la proteína CENH3 y las plantas comprenden un transgén heterólogo, que es económicamente problemático debido a la creciente renuencia del público hacia los cultivos modificados genéticamente.

Por lo tanto, un objeto de la presente invención es superar los problemas antes mencionados y, en particular, proporcionar plantas inductoras de haploides alternativas que no comprendan modificaciones sustanciales de su proteína CENH3 y/o que no estén modificadas genéticamente.

Este problema se resuelve mediante el objeto de las reivindicaciones independientes. La presente invención es por lo tanto como se define en el conjunto de reivindicaciones. Lo mismo es cierto en consecuencia para las secuencias de acuerdo con la lista de secuencias que forma parte de la solicitud tal como se presentó. El dominio CATD de la proteína CENH3 corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 113 hasta la posición 155 como se establece en SEQ ID No. 38 derivada de *Arabidopsis thaliana* y/o el dominio CATD de la proteína CENH3 está codificado por una secuencia de nucleótidos correspondiente a los nucleótidos de la posición 337 a la posición 465 como se establece en SEQ ID No. 37 derivada de *Arabidopsis thaliana*. Las secuencias de *A. thaliana* sirven solo como referencias y no limitan la invención a las secuencias particulares de *A. thaliana*. Debido al alto nivel de conservación, un experto en la materia puede encontrar la secuencia de nucleótidos y la secuencia de aminoácidos correspondientes a las secuencias de *A. thaliana* en cualquier otro material de planta o especie de planta. En el contexto de la presente invención, el término "alteración" significa cualquier modificación de la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3 (incluidas las modificaciones múltiples) que es causada por al menos una mutación en la secuencia de nucleótidos que codifica una proteína centrómero de histona H3 (CENH3). La secuencia de nucleótidos puede ser un ADN genómico o el ADNc del gen CENH3. Una alteración puede ser una sustitución de uno o más aminoácidos, una inserción de uno o más aminoácidos o una delección de uno o más aminoácidos. Las mutaciones a nivel de ADN que pueden alterar la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3 pueden ser mutaciones puntuales que conducen a una sustitución de un aminoácido o un codón de terminación, inserciones o delecciones que desplazan el marco de lectura del gen CENH3, o mutaciones en los sitios de empalme.

En una realización, la mutación que provoca la sustitución de un aminoácido se encuentra dentro del bucle1 del dominio CATD. El bucle1 corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 114 hasta la posición 126 como se establece en SEQ ID No. 38 derivada de *Arabidopsis thaliana* y/o el bucle1 está codificado por una secuencia de nucleótidos correspondiente a los nucleótidos desde la posición 340 hasta la posición 378 como se establece en SEQ ID No. 37 derivada de *Arabidopsis thaliana*. Las secuencias de *A. thaliana* sirven solo como referencias y no limitan la invención a las secuencias particulares de *A. thaliana*. Debido al alto nivel de conservación, los expertos en la materia pueden encontrar la secuencia de nucleótidos y la secuencia de aminoácidos correspondientes a las secuencias de *A. thaliana* en cualquier otro material de planta o especie de planta.

En otra realización, la al menos una mutación que causa una sustitución de aminoácido está ubicada dentro de la hélice $\alpha 2$ del dominio CATD. La hélice $\alpha 2$ corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 127 hasta la posición 155 como se establece en SEQ ID No. 38 derivada de *Arabidopsis thaliana* y/o la hélice $\alpha 2$ está codificada por una secuencia de nucleótidos correspondiente a los nucleótidos de la posición 379 a la posición 465 como se establece en SEQ ID No. 37 derivada de *Arabidopsis thaliana*. Las secuencias de *A. thaliana* sirven solo como referencias y no limitan la invención a las secuencias particulares de *A. thaliana*. Debido al alto nivel de conservación, los expertos en la materia pueden encontrar la secuencia de nucleótidos y la secuencia de aminoácidos correspondientes a las secuencias de *A. thaliana* en cualquier otro material de planta o especie de planta.

Las proteínas CENH3 son variantes de las proteínas histonas H3 que son miembros del complejo cinetocoro de centrómeros activos, es decir, la estructura de la proteína en los cromosomas donde se unen las fibras del huso durante la división celular. Básicamente, las proteínas CENH3 se caracterizan por un dominio de cola variable, que no forma una estructura secundaria rígida, y un dominio de pliegue de histona conservado que consiste en tres regiones α -helicoidales, denominadas $\alpha 1$ a $\alpha 3$, que están conectadas por dos secciones de bucle. Dentro del dominio de plegamiento de histonas se encuentra el dominio CATD altamente conservado (dominio de direccionamiento CENP-A), que está formado por partes de la hélice $\alpha 1$, la hélice $\alpha 2$ completa y el bucle1 de conexión. El dominio CATD conservado es necesario para que las chaperonas carguen CENH3 y, por lo tanto, es vital para la localización del cinetocoro y la función del centrómero.

Los presentes inventores descubrieron sorprendentemente que se puede obtener una planta que posea la capacidad de producir progenie haploide, es decir, un inductor haploide, sustituyendo un solo aminoácido dentro del dominio CATD conservado en el bucle1 o la hélice $\alpha 2$ de la proteína CENH3. Ventajosamente, esto puede lograrse mediante métodos transgénicos así como no transgénicos. Se prefieren los métodos no transgénicos debido a los enormes costes de la desregulación de los organismos genéticamente modificados (GMO), así como al creciente rechazo público de los organismos genéticamente modificados (GMO) o las plantas generadas por medio de GMO, en particular los cultivos para consumo humano, y los amplios procesos de autorización de comercialización que incluyen evaluaciones de seguridad rigurosas de tales GMO.

La presente invención proporciona una planta como se define en las reivindicaciones 1 a 4.

En una realización preferida, la presente invención se refiere a una planta que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína centrómero de histona H3 (CENH3) que comprende un dominio CATD, en donde la parte de la secuencia de nucleótidos que codifica el dominio CATD comprende una mutación y en donde la mutación provoca una alteración de la secuencia de aminoácidos en el dominio CATD de la proteína CENH3 en el bucle1 que a) está codificada por una secuencia de nucleótidos correspondiente a los nucleótidos desde la posición 340 hasta la posición 378 como se establece en SEQ ID No. 37 derivada de *Arabidopsis thaliana*, que corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 114 hasta la posición 126 como se establece en SEQ ID No. 38 derivada de *Arabidopsis thaliana*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 271 a la posición 306 como se establece en SEQ ID No. 60 derivada de *Beta vulgar*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 91 hasta la posición 102 como se establece en SEQ ID No. 61 derivada de *Beta vulgar*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 346 a la posición 384 como se establece en SEQ ID No. 51 derivada de *Brassica napus*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde las posiciones 116 a la posición 128 como se establece en SEQ ID No. 52 derivada de *Brassica napus*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 280 a la posición 318 como se establece en SEQ ID No. 57 derivada de *Zea mays*, corresponde a la secuencia de aminoácidos de las posiciones 94 a la posición 106 como se establece en SEQ ID No. 58 derivada de *Zea mays*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 280 a la posición 318 como se establece en SEQ ID No. 54 derivada de *Sorghum bicolor*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde las posiciones 94 a la posición 106 como se establece en SEQ ID No. 55 derivada de *Sorghum bicolor*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 208 a la posición 264 como se establece en SEQ ID No. 33 derivada de *Hordeum vulgare* (β CENH3), corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 70 a la posición 88 como se establece en SEQ ID No. 34 derivada de *Hordeum vulgare* (β CENH3), o que tiene la secuencia consenso de SEQ ID No. 49, y b) que está posicionada dentro del dominio CATD de la proteína CENH3 como se definió anteriormente, o la mutación provoca una alteración de la secuencia de aminoácidos en el dominio CATD de la Proteína CENH3 en la hélice $\alpha 2$ que a) está codificada por una secuencia de nucleótidos correspondiente a los nucleótidos desde la posición 379 hasta la posición 465 como se establece en SEQ ID No. 37 derivada de *Arabidopsis thaliana*, que corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 127 hasta la posición 155 como se establece en SEQ ID No. 38 derivada de *Arabidopsis thaliana*, o está codificada por una

secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 307 a la posición 393 como se establece en SEQ ID No. 60 derivada de *Beta vulgar*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 103 hasta la posición 131 como se establece en SEQ ID No. 61 derivada de *Beta vulgar*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 385 a la posición 471 como se establece en SEQ ID No. 51 derivada de *Brassica napus*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde las posiciones 129 a la posición 157 como se establece en SEQ ID No. 52 derivada de *Brassica napus*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 319 a la posición 405 como se establece en SEQ ID No. 57 derivada de *Zea mays*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 107 hasta la posición 135 como se establece en SEQ ID No. 58 derivada de *Zea mays*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 319 a la posición 405 como se establece en SEQ ID No. 54 derivada de *Sorghum bicolor*, corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 107 hasta la posición 135 como se establece en SEQ ID No. 55 derivada de *Sorghum bicolor*, o está codificada por una secuencia de nucleótidos que corresponde a los nucleótidos de la posición 265 a la posición 351 como se establece en SEQ ID No. 33 derivada de *Hordeum vulgare* (β CENH3), corresponde a la secuencia de aminoácidos desde la posición 89 a la posición 117 como se establece en SEQ ID No. 34 derivada de *Hordeum vulgare* (β CENH3), o que tiene la secuencia consenso de SEQ ID No. 1, y b) que está ubicado en el bucle o la hélice $\alpha 2$ del dominio CATD. El bucle 1 no mutado del dominio CATD está muy conservado entre las especies de plantas y tiene 13 aminoácidos de longitud, comenzando en la posición 1 y terminando en la posición 13. En la presente invención, cualquier posición de aminoácido dada con respecto al bucle 1 o a la secuencia consenso descrita a continuación de SEQ ID No. 49 se refiere a este sistema de numeración. Preferiblemente, el bucle no mutado presenta la secuencia de aminoácidos que se indica en la Tabla 1.

Tabla 1: Aminoácidos especificados en el bucle1 de la proteína CENH3

Posición dentro del bucle1	Aminoácidos
1	T, S o A
2	H, Q, N, A, Y, F, G, D o E
3	M, Q, I, F, Y, A, E, N, R, L, H o G
4	L, F, V, I o Y
5	A, T, S, C o M
6	P, N, D, R, A, T, F, R, H, S o K
7	X
8	Q, Y, D, K, R, E, G, S, P, H, N o A
9	I, V o P
10	N, G, T, E, o S
11	R o P
12	W o Y
13	T, Q o S

Más preferiblemente, el bucle1 tiene la secuencia consenso de SEQ ID No. 49, que es

TNFLA PXEVT RWT,

5 10 13

25 Como se indicó anteriormente, el bucle1 comprende aminoácidos no especificados [marcados como X] y aminoácidos especificados [marcados como código de una letra].

La hélice $\alpha 2$ no mutada del dominio CATD está altamente conservada entre las especies de plantas y tiene una longitud de 29 aminoácidos que comienza en la posición 1 y termina en la posición 29. En la presente invención, cualquier posición de aminoácido dada con respecto a la hélice $\alpha 2$ o la secuencia consenso descrita a continuación de SEQ ID No. 1 se refiere a este sistema de numeración. Preferiblemente, la hélice $\alpha 2$ no mutada presenta la secuencia de aminoácidos que se indica en la Tabla 2.

Tabla 2: Aminoácidos especificados en la hélice $\alpha 2$ del dominio CATD

Posición dentro de la hélice $\alpha 2$	Aminoácidos
1	A, P, V o L

Posición dentro de la hélice $\alpha 2$	Aminoácidos
2	E, D, Q, H o L
3	A
4	L o V
5	V, L, M, I, R, Y o T
6	S o A
7	I o L
8	Q
9	E
10	A o S
11	A o T
12	E
13	D, N, F, I o Y
14	Y, F o H
15	L, I o V
16	V o I
17	G, R, E, H, N, T, E, D o Q
18	L, M o I
19	F, M o L
20	S, E, D o G
21	D, M, V, N, E, A, R o K
22	S, G, A o T
23	M, W, N o H
24	L o H
25	C o L
26	A o T
27	L o I
28	H
29	A o S

Más preferiblemente, la hélice $\alpha 2$ tiene la secuencia consenso de SEQ ID No. 1, que es

AEALIL ALQFA AEDEL VHLFE DAMLC AIHA.
5 10 15 20 25 29

Como se indicó anteriormente, la hélice $\alpha 2$ comprende aminoácidos específicos [marcados como un código de una letra].

Un aminoácido no especificado como se indica en la Tabla 1 o en SEQ ID No. 49 es un aminoácido que, aunque se especifica en un grupo de especies de plantas en particular, en un género de plantas en particular o en una especie de plantas en particular, no se conserva en un rango mayor de especies de plantas. Por lo tanto, un aminoácido no especificado de SEQ ID No. 49 o como se proporciona en la Tabla 1 está en un grupo de especies de plantas particulares, en un género de plantas particular o en una especie de planta particular un aminoácido específico bien definido que, sin embargo, posiblemente no se encuentra en el mismo lugar en otra especie de planta. Por lo tanto, una sustitución de aminoácido de un aminoácido no especificado de SEQ ID No. 49 o como se indica en la Tabla 1 significa que en una planta, es decir, en una especie de planta específica, el aminoácido específico pero no conservado se sustituye por otro aminoácido que es de origen natural en ese lugar en este grupo de especies de plantas particulares, en este género de plantas en particular o en esta especie de plantas en particular en la proteína CENH3

nativa codificada endógenamente de dicha especie de planta. Además, un aminoácido no especificado así como un aminoácido especificado pueden ser esencial con respecto a los procesos de plegamiento de proteínas o estabilidad de proteínas. La alteración de dicho aminoácido puede conducir a que un CENH3 mutante tenga una estabilidad deteriorada o un plegamiento incorrecto.

- 5 Los aminoácidos especificados proporcionados en la Tabla 1 y en la Tabla 2 y en particular los aminoácidos especificados de SEQ ID Nos. 49 y 1 son aquellos que se encuentran en un amplio rango de especies de plantas, preferiblemente como las enumeradas a continuación, y que por lo tanto están bien conservadas.

En una realización preferida, la secuencia consenso de SEQ ID No. 49 o 1 se ha compilado a partir de las secuencias de bucle1 y α 2-helix derivadas de especies seleccionadas del grupo que consiste en *Hordeum vulgare*, *Hordeum bulbosom*, *Sorghum bicolor*, *Saccharum officinarum*, *Zea mays*, *Setaria italica*, *Oryza minuta*, *Oryza sativa*, *Oryza australiensis*, *Oryza alta*, *Triticum aestivum*, *Secale cereale*, *Malus domestica*, *Brachypodium distachyon*, *Hordeum marinum*, *Aegilops tauschii*, *Daucus glochidiatus*, *Beta vulgaris*, *Daucus pusillus*, *Daucus muricatus*, *Daucus carota*, *Eucalyptus grandis*, *Nicotiana sylvestris*, *Nicotiana tomentosiformis*, *Nicotiana tabacum*, *Solanum lycopersicum*, *Solanum tuberosum*, *Coffea canephora*, *Vitis vinifera*, *Erythranthe guttata*, *Genlisea aurea*, *Cucumis sativus*, *Morus notabilis*, *Arabidopsis arenosa*, *Arabidopsis lyrata*, *Arabidopsis thaliana*, *Crucihimalaya himalaica*, *Crucihimalaya wallichii*, *Cardamine flexuosa*, *Lepidium virginicum*, *Capsella bursa pastoris*, *Olmabidopsis pumila*, *Arabis hirsute*, *Brassica napus*, *Brassica oleracea*, *Brassica rapa*, *Raphanus sativus*, *Brassica juncea*, *Brassica nigra*, *Eruca vesicaria* subsp. *sativa*, *Citrus sinensis*, *Jatropha curcas*, *Populus trichocarpa*, *Medicago truncatula*, *Cicer yamashitae*, *Cicer bijugum*, *Cicer arietinum*, *Cicer reticulatum*, *Cicer judaicum*, *Cajanus cajanifolius*, *Cajanus scarabaeoides*, *Phaseolus vulgaris*, *Glycine max*, *Astragalus sinicus*, *Lotus japonicus*, *Torenia fournieri*, *Allium cepa*, *Allium fistulosum*, *Allium sativum*, y *Allium tuberosum*.

La sustitución de un aminoácido especificado como se define en la Tabla 1 significará la sustitución de un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en:

- 25 a) histidina, glutamina, asparagina, alanina, tirosina, fenilalanina, glicina, ácido aspártico o ácido glutámico en la posición 2,

- b) triptófano o tirosina en la posición 12.

La sustitución de un aminoácido especificado como se define en la Tabla 2 significará la sustitución de un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en:

- 30 a) leucina o valina en la posición 4,
b) isoleucina o leucina en la posición 7,
c) glutamina en la posición 8,
e) cisteína o leucina en la posición 25,
f) alanina o treonina en la posición 26.

En una realización particularmente preferida, la mutación provoca una sustitución de un aminoácido específico de SEQ ID No. 49. Por tanto, la planta según la presente invención comprende una sustitución de los aminoácidos especificados de SEQ ID No. 49, es decir, aquellos aminoácidos que están altamente conservados y nombrados en la secuencia consenso de SEQ ID No. 49. La sustitución de un aminoácido especificado de SEQ ID No. 49 significará la sustitución de un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en:

- 40 a) asparagina en la posición 2,
b) triptófano en la posición 12.

En una realización particularmente preferida, la mutación provoca una sustitución de un aminoácido específico de SEQ ID No. 1. Así, la planta según la presente invención comprende al menos una sustitución de los aminoácidos especificados de SEQ ID No. 1, es decir, aquellos aminoácidos que están altamente conservados y nombrados en la secuencia consenso de SEQ ID No. 1. La sustitución de un aminoácido especificado de SEQ ID No. 1 significará la sustitución de un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en:

- 50 a) leucina en la posición 4,
b) leucina en la posición 7,
c) glutamina en la posición 8,
d) alanina en la posición 10,
e) cisteína en la posición 25,

f) alanina en la posición 26,

En otra realización especialmente preferida, la mutación provoca una sustitución de un aminoácido específico en el bucle1, en el que el aminoácido asparagina en la posición 2 de SEQ ID No. 49 se sustituye, preferiblemente por valina, o el aminoácido alanina en la posición 95 de SEQ ID No. 55 se sustituye, preferiblemente por valina, o el aminoácido prolina en la posición 121 de SEQ ID No. 52 se sustituye, preferiblemente por serina, o se sustituye el aminoácido triptófano en la posición 12 de SEQ ID No. 49, preferiblemente por una señal de parada, o se sustituye el aminoácido triptófano en la posición 127 de SEQ ID No. 52, preferiblemente por una señal de parada. En otra realización particularmente preferida, la mutación provoca una sustitución de un aminoácido específico en la hélice $\alpha 2$, en la que el aminoácido leucina en la posición 4 de SEQ ID No. 1 se sustituye, preferiblemente por fenilalanina, isoleucina o glutamina, o el aminoácido leucina en la posición 132 de SEQ ID No. 52 o la posición 92 de SEQ ID No. 34 o la posición 130 de SEQ ID No. 38 o la posición 106 de SEQ ID No. 61 se sustituye, preferiblemente por fenilalanina, isoleucina o glutamina, o se sustituye la amino leucina en la posición 7 de SEQ ID No. 1, preferiblemente por prolina, o se sustituye el aminoácido leucina en la posición 109 de SEQ ID No. 61, preferiblemente por prolina, o el aminoácido glutamina en la posición 8 de SEQ ID No. 1 se sustituye, preferiblemente por una señal de parada o leucina, o se sustituye el aminoácido glutamina en la posición 114 de SEQ ID No. 58 o la posición 110 de SEQ ID No. 61, preferiblemente por una señal de parada o leucina, o el aminoácido alanina en la posición 10 de SEQ ID No. 1 se sustituye, preferiblemente por treonina, o se sustituye el aminoácido alanina en la posición 138 de SEQ ID No. 52, preferiblemente por treonina, o se sustituye el aminoácido cisteína en la posición 25 de SEQ ID No. 1, preferiblemente por tirosina, o el aminoácido cisteína en la posición 153 de SEQ ID No. 52 se sustituye, preferiblemente por tirosina, o el aminoácido alanina en la posición 26 de SEQ ID No. 1 se sustituye, preferiblemente por valina, o el aminoácido alanina en la posición 154 de SEQ ID No. 52 se sustituye, preferiblemente por valina.

En particular, la presente invención se refiere a mutaciones que provocan o conducen a una sustitución de aminoácidos dentro de la proteína CENH3, en particular el dominio CATD de la misma. Por lo tanto, en el contexto de la presente invención, una mutación es preferiblemente una mutación o sustitución puntual no sinónima en la secuencia de ADN que codifica la proteína CENH3 que da como resultado un cambio en el aminoácido. Esto también se llama una mutación de sentido contrario. Además, el cambio de aminoácido o la sustitución de aminoácido puede ser conservador, es decir, un cambio a un aminoácido con propiedades fisicoquímicas similares, semiconservador, por ejemplo negativo a un aminoácido cargado positivamente, o radical, es decir, un cambio a un aminoácido muy diferente.

En una realización preferida de la presente invención, la presente planta que tiene actividad biológica de un inductor haploide es homocigota con respecto a la mutación o al menos una mutación. En otra realización de la presente invención, la presente planta que tiene actividad biológica de un inductor haploide es heterocigota con respecto a la mutación o al menos una mutación.

La planta según la presente invención tiene la actividad biológica de un inductor de haploides. Esto significa que el cruce entre la planta según la presente invención y una planta de tipo salvaje o una planta que expresa la proteína CENH3 de tipo salvaje produce al menos 0.1 %, 0.2 %, 0.3 %, 0.4 %, 0.5 %, 0.6 %, 0.7 %, 0.8 %, 0.9 %, preferiblemente al menos 1 %, preferiblemente al menos 2 %, preferiblemente al menos 3 %, preferiblemente al menos 4 %, preferiblemente al menos 5 %, preferiblemente al menos 6 %, preferiblemente al menos 7 %, preferiblemente al menos 8 %, preferiblemente al menos el 9 %, lo más preferiblemente al menos el 10 %, al menos el 15 %, al menos el 20 % o más progenie haploide. Por lo tanto, una planta de tipo salvaje es preferiblemente una planta de la misma especie que no comprende la mutación de la planta según la presente invención dentro del gen CENH3 endógeno correspondiente, es decir, la planta es capaz de expresar la proteína CENH3 nativa, y una planta que expresa CENH3 de tipo salvaje es preferiblemente una planta de la misma especie que comprende i) una secuencia de nucleótidos que codifica la proteína CENH3 sin la mutación de la planta según la presente invención y es capaz de expresar dicha proteína CENH3 nativa o ii) una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína CENH3 de otra especie de planta que muestra una funcionalidad comparable a la CENH3 nativa, por ejemplo, tal proteína CENH3 derivada de otra especie de planta puede introducirse como un transgén.

Por lo tanto, la presente invención proporciona de forma más ventajosa medios y métodos para generar líneas inductoras de haploides en un amplio rango de especies de eudicotiledóneas, dicotiledóneas y monocotiledóneas. La presente invención también permite el intercambio de citoplasma materno y crear, por ejemplo, plantas de esterilidad masculina citoplasmática con un genotipo deseado en un solo paso de proceso. La presente invención es ventajosa en la medida en que se puede generar una mutación de un solo aminoácido mediante mutagénesis o cualquier otro enfoque no basado en GMO.

Así, todo el proceso de haploidización mediante la aplicación de una línea inductora de haploides caracterizada por un gen CENH3 endógeno con mutación puntual que codifica una proteína CENH3 con alteración en al menos una de las posiciones proporcionadas por la presente invención es no transgénica en una realización preferida.

En el contexto de la presente invención, un gen, alelo o proteína "endógenos" se refiere a una secuencia no recombinante de una planta tal como la secuencia se presenta en la planta respectiva, en particular en la planta de tipo salvaje. El término "mutado" se refiere a una secuencia alterada por humanos. Los ejemplos de mutaciones no transgénicas inducidas por humanos incluyen la exposición de una planta a una dosis alta de mutágeno químico,

radiológico u otro con el fin de seleccionar mutantes. Alternativamente, mutaciones transgénicas inducidas por humanos, es decir, alteraciones recombinantes o ingeniería genómica, por ejemplo, por medio de nucleasas TALE, nucleasas con dedos de zinc o un sistema CRISPR/Cas, incluyen fusiones, inserciones, deleciones y/o cambios en la secuencia de ADN o de aminoácidos.

5 Una secuencia de polinucleótidos o polipéptidos es "heteróloga o exógena a" un organismo si se origina a partir de una especie extraña o, si es de la misma especie, se modifica a partir de su forma original. "Recombinante" se refiere a una secuencia polinucleotídica o polipeptídica alterada por humanos, es decir, transgénica. Un "transgén" se usa como se entiende el término en la técnica y se refiere a un ácido nucleico, preferiblemente heterólogo, introducido en una célula mediante manipulación molecular humana del genoma de la célula, por ejemplo por transformación molecular. Así, una "planta transgénica" es una planta que comprende un transgén, es decir, es una planta modificada genéticamente. La planta transgénica puede ser la planta inicial en la que se introdujo el transgén, así como su progenie cuyo genoma también contiene el transgén.

15 El término "codificación de secuencia de nucleótidos" se refiere a un ácido nucleico que dirige la expresión de una proteína específica, en particular la proteína CENH3 o partes de la misma. Las secuencias de nucleótidos incluyen tanto la secuencia de la cadena de ADN que se transcribe en ARN como la secuencia de ARN que se traduce en la proteína. Las secuencias de nucleótidos incluyen tanto las secuencias de ácido nucleico de longitud completa como las secuencias de longitud no completa derivadas de las secuencias de longitud completa.

El término "gen" se refiere a una secuencia de nucleótidos codificante y secuencias de nucleótidos reguladoras asociadas, intrones, 5' UTR y/o 3' UTR.

20 El término 'elemento regulador' se refiere a una secuencia, preferiblemente una secuencia de nucleótidos, ubicada corriente arriba (5'), dentro y/o corriente abajo (3') de una secuencia de nucleótidos, preferiblemente una secuencia codificante, cuya transcripción y expresión están controladas por el elemento regulador, potencialmente en conjunción con el aparato biosintético de proteínas de la célula. 'Regulación' o 'regular' se refieren a la modulación de la expresión génica inducida por elementos de la secuencia de ADN ubicados principalmente, pero no exclusivamente, corriente arriba (5') desde el inicio de la transcripción del gen de interés. La regulación puede resultar en una respuesta de todo o nada a una estimulación, o puede resultar en variaciones en el nivel de expresión génica.

Se dice que un elemento regulador, en particular una secuencia de ADN, como un promotor, está "operablemente enlazado a" o "asociado con" una secuencia de ADN que codifica un ARN o una proteína, si las dos secuencias están situadas y orientadas de manera que la secuencia de ADN reguladora afecta la expresión de la secuencia de ADN codificante,

Un 'promotor' es una secuencia de ADN que inicia la transcripción de una secuencia de ADN asociada, en particular que se ubica corriente arriba (5') desde el comienzo de la transcripción y que está involucrada en el reconocimiento y que es de la ARN-polimerasa. Dependiendo de la región promotora específica, también puede incluir elementos que actúan como reguladores de la expresión génica, como activadores, potenciadores y/o represores.

35 Un elemento regulador '3' (o extremo '3') se refiere a la porción de un gen que comprende un segmento de ADN, excluyendo la secuencia 5' que impulsa el inicio de la transcripción y la porción estructural del gen, que determina el sitio correcto de terminación y contiene una señal de poliadenilación y cualquier otra señal reguladora capaz de efectuar el procesamiento del ARN mensajero (ARNm) o la expresión génica. La señal de poliadenilación generalmente se caracteriza por efectuar la adición de tramos de ácido poliadenílico al extremo 3' del precursor de ARNm. Las señales de poliadenilación a menudo se reconocen por la presencia de homología con la forma canónica 5'-AATAAA-3'.

El término "secuencia codificante" se refiere a la parte de un gen que codifica una proteína, un polipéptido o una parte del mismo, y excluye las secuencias reguladoras que impulsan el inicio o la terminación de la transcripción.

45 El gen, la secuencia de codificación o el elemento regulador puede ser uno que normalmente se encuentra en la célula, en cuyo caso se denomina 'autólogo' o 'endógeno', o puede ser uno que normalmente no se encuentra en una ubicación celular, en cuyo caso es denominado 'heterólogo', 'transgénico' o 'transgén',

Un gen, una secuencia de codificación o un elemento regulador 'heterólogos' también pueden ser autólogos de la célula pero, sin embargo, están dispuestos en un orden y/u orientación o en una posición o entorno genómico que normalmente no se encuentra o no ocurre en la célula en la que se transfiere.

50 El término "vector" hace referencia a un constructo de ADN recombinante que puede ser un plásmido, un virus, una secuencia de replicación autónoma, un cromosoma artificial, tal como el cromosoma artificial bacteriano BAC, un fago u otra secuencia de nucleótidos, en la que al menos dos secuencias de nucleótidos, al menos al menos uno de los cuales es una molécula de ácido nucleico de la presente invención, se han unido o recombinado. Un vector puede ser lineal o circular. Un vector puede estar compuesto por un ADN o ARN monocatenario o bicatenario.

55 El término "expresión" se refiere a la transcripción y/o traducción de un gen endógeno o un transgén en plantas.

'Transformación', 'que transforman' y 'que transfieren' se refieren a métodos para transferir moléculas de ácido nucleico, en particular ADN, a las células, incluidos, pero no limitados a, enfoques biolísticos tales como el bombardeo de partículas, la microinyección, la permeabilización de la membrana celular con diversos tratamientos físicos, por ejemplo electroporación, o tratamientos químicos, por ejemplo tratamientos con polietilenglicol o PEG; la fusión de protoplastos o *Agrobacterium tumefaciens* o transformación mediada por rizogenes. Para la inyección y electroporación de ADN en células vegetales no existen requisitos específicos para los plásmidos utilizados. Pueden usarse plásmidos tales como derivados de pUC. Si se van a regenerar plantas completas a partir de tales células transformadas, se prefiere el uso de un marcador seleccionable. Dependiendo del método para la introducción de los genes deseados en la célula vegetal, pueden ser necesarias más secuencias de ADN; si, por ejemplo, el plásmido Ti o Ri se usa para la transformación de la célula vegetal, al menos el borde derecho, a menudo, sin embargo, los bordes derecho e izquierdo del plásmido Ti y Ri T-ADN tienen que estar unidos como región flanqueante a los genes a introducir. Preferiblemente, las moléculas de ácido nucleico transferidas se integran de forma estable en el genoma o plastoma de la planta receptora.

En el contexto de la presente invención, el término "actividad biológica de un inductor de haploides" o "inductor de haploides" o "línea de inductores de haploides" se refiere a una planta o línea de plantas que tiene la capacidad de producir progenie o genotipia haploide en al menos un 0.1 %. al menos 0.2 %, 0.3 %, 0.4 %, 0.5 %, 0.6 %, 0.7 %, 0.8 %, 0.9 %, preferiblemente al menos 1 %, preferiblemente al menos 2 %, preferiblemente al menos 3 %, preferiblemente al menos 4 %, preferiblemente al menos el 5 %, preferiblemente al menos el 6 %, preferiblemente al menos el 7 %, preferiblemente al menos el 8 %, preferiblemente al menos el 9 %, lo más preferiblemente al menos el 10 %, lo más preferiblemente al menos el 15 %, lo más preferiblemente al menos el 20 % de casos cuando se cruza con una planta de tipo salvaje o una planta que expresa al menos la proteína CENH3 de tipo salvaje. Dado que los cromosomas del inductor haploide se eliminan durante la meiosis, la progenie haploide resultante solo comprende los cromosomas del progenitor de tipo salvaje. Sin embargo, en caso de que el inductor haploide fuera el progenitor del óvulo del cruce, la progenie haploide posee el citoplasma del inductor y los cromosomas del progenitor de tipo salvaje.

El término "planta" según la presente invención incluye plantas enteras o partes de tal planta entera.

Las plantas enteras son preferiblemente plantas con semillas o un cultivo. Las partes de una planta son, por ejemplo órganos/estructuras vegetativas de brotes, por ejemplo, hojas, tallos y tubérculos; raíces, flores y órganos/estructuras florales, por ejemplo brácteas, sépalos, pétalos, estambres, carpelos, anteras y óvulos; semilla, incluidos el embrión, el endospermo y la cubierta de la semilla; fruto y el ovario maduro; tejido vegetal, por ejemplo tejido vascular, tejido triturado y similares; y células, por ejemplo células protectoras, células fecundables, tricomas y similares; y progenie de la misma.

En cualquier caso, la planta de la presente invención comprende al menos una célula que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína centrómero de histona H3 que comprende un dominio CATD, en donde la secuencia de nucleótidos comprende una mutación que provoca en el dominio CATD una alteración de la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3 y dicha alteración pueden conferir a la planta la actividad biológica de un inductor de haploides, preferiblemente como se especifica aquí con más detalle. Lo más preferiblemente, la mayoría o en particular todas las células de la planta de la presente invención comprenden la mutación como se describe en el presente documento.

Las especies de plantas que se pueden usar en el método de la invención son preferiblemente plantas eudicotiledóneas, dicotiledóneas y monocotiledóneas.

El término "planta" en una realización preferida se refiere únicamente a una planta completa, es decir, una planta que exhibe el fenotipo completo de una planta desarrollada y capaz de reproducirse, una etapa anterior de desarrollo de la misma, por ejemplo, un embrión de planta, o ambos.

En una realización de la presente invención, el término "planta" se refiere a una parte de una planta completa, en particular material de la planta, células vegetales o cultivos de células vegetales.

El término "célula vegetal" describe la unidad estructural y fisiológica de la planta y comprende un protoplasto y una pared celular. La célula vegetal puede estar en forma de una sola célula aislada, como células protectoras estomáticas o células cultivadas, o como parte de una unidad organizada superior como, por ejemplo, un tejido vegetal o un órgano vegetal.

El término "material vegetal" incluye partes de plantas, en particular células vegetales, tejidos vegetales, en particular material de propagación vegetal, preferiblemente hojas, tallos, raíces, radículas emergidas, flores o partes de flores, pétalos, frutos, polen, tubos polínicos, filamentos de anteras, óvulos, sacos embrionarios, células fecundables, ovarios, cigotos, embriones, embriones cigóticos per se, embriones somáticos, secciones de hipocótilo, meristemas apicales, haces vasculares, periciclos, semillas, raíces, esquejes, cultivos de células o tejidos, o cualquier otra parte o producto de una planta.

Por tanto, la presente invención también proporciona material de propagación vegetal de las plantas de la presente invención. Por dicho "material de propagación vegetal" se entiende cualquier material vegetal susceptible de ser reproducido sexual o asexualmente in vivo o in vitro. Particularmente preferidos dentro del alcance de la presente

invención son protoplastos, células, callos, tejidos, órganos, semillas, embriones, polen, células fecundables, cigotos, junto con cualquier otro material de propagación obtenido de plantas transgénicas. Partes de plantas, tales como por ejemplo flores, tallos, frutos, hojas, raíces que se originan en plantas mutadas o su progenie previamente mutada, preferiblemente transformadas, mediante los métodos de la presente invención y que por lo tanto consisten al menos en parte en células mutadas, son también objeto de la presente invención.

Preferiblemente, la planta según la presente invención se selecciona del grupo que consiste en cebada (*Hordeum vulgare*), sorgo (*Sorghum bicolor*), centeno (*Secede cereale*), triticale, caña de azúcar (*Saccharum officinarum*), maíz (*Zea mays*), mijo cola de zorra (*Setaria italic*), arroz (*Oriza sativa*), *Oryza minuta*, *Oryza australiensis*, *Oryza alta*, trigo (*Triticum aestivum*), *Triticum durum*, *Hordeum bulbosum*, falso bromo púrpura (*Brachypodium distachyon*), cebada marina (*Hordeum marinum*), hierba de cabra (*Aegilops tauschii*), manzana (*Malus domestica*), *Beta vulgaris*, girasol (*Helianthus annuus*), zanahoria australiana (*Daucus glochidiatus*), zanahoria silvestre americana (*Daucus pusillus*), *Daucus muricatus*, zanahoria (*Daucus carota*), eucalipto (*Eucalyptus grandis*), *Elythranthe guttata*, *Genlisea aurea*, tabaco del bosque (*Nicotiana Sylvestris*), tabaco (*Nicotiana tabacum*), *Nicotiana tomentosiformis*, tomate (*Solanum lycopersicum*), patatas (*Solanum tuberosum*), café (*Coffea canephora*), vid de uva (*Vitis vinifera*), pepino (*Cucumis sativus*), morera (*Morus notabilis*), berro de thale (*Arabidopsis thaliana*), *Arabidopsis lyrata*, berro de arena (*Arabidopsis arenosa*), *Crucihimalaya himalaica*, *Crucihimalaya wallichii*, berro amargo ondulado (*Cardamine flexuosa*), hierba de pimienta (*Lepidium virginicum*), bolsa de pastor (*Capsella bursa-pastoris*), *Olmarabidopsis pumila*, berro peludo (*Arabis hirsuta*), colza (*Brassica napus*), brócoli (*Brassica oleracea*), *Brassica rapa*, *Brassica juncacea*, mostaza negra (*Brassica nigra*), rábano (*Raphanus sativus*), Eruca vesicaria sativa, naranja (*Cítricos sinensis*), *Jatropha curcas*, *Glycine max*, y álamo negro (*Populus trichocarpa*).

Particularmente preferida es la planta seleccionada del grupo que consiste en cebada (*Hordeum vulgare*), sorgo (*Sorghum bicolor*), centeno (*Secale cereale*), Triticale, caña de azúcar (*Saccharum officinarum*), maíz (*Zea Mays*), arroz (*Oriza sativa*), trigo (*Triticum aestivum*), *Triticum durum*, *Avena sativa*, *Hordeum bulbosum*, *Beta vulgaris*, girasol (*Helianthus annuus*), zanahoria (*Daucus carota*), tabaco (*Nicotiana tabacum*), tomate (*Solanum lycopersicum*), patatas (*Solanum tuberosum*), café (*Coffea canephora*), vid de uva (*Vitis vinifera*), pepino (*Cucumis sativus*), berro de thale (*Arabidopsis thaliana*), colza (*Brassica napus*), brócoli (*Brassica oleracea*), *Brassica rapa*, *Brassica juncacea*, mostaza negra (*Brassica nigra*), rábano (*Raphanus sativus*), y *Glycine max*.

La planta de acuerdo con la presente invención contiene en una realización preferida la secuencia de nucleótidos que codifica el CENH3 ya sea como un gen endógeno o como un transgén.

La invención se refiere en una realización preferida a una planta según la presente enseñanza, en la que la alteración se introduce en la secuencia de nucleótidos que codifica CENH3 de forma no transgénica o transgénica.

Así, preferiblemente en una realización, en la que la mutación se efectúa en el gen CENH3 endógeno, la planta obtenida no es transgénica. Preferiblemente, la mutación se efectúa mediante mutagénesis no transgénica, en particular mutagénesis química, preferiblemente mediante TILLING inducido por EMS (etilmetanosulfonato) o edición genómica direccionada.

Así, la presente invención se refiere a una planta, en la que la introducción no transgénica de la mutación que provoca en el dominio CATD una alteración de la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3, preferiblemente una sustitución o delección de aminoácidos, y dicha alteración que confiere la actividad biológica de un inductor haploide se efectúa mediante mutagénesis química, en particular mediante TILLING.

En otra realización preferida, la mutación se introduce en la planta en forma de transgén. Preferiblemente, esto se hace transformando un vector que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica al menos el dominio CATD de CENH3 que comprende una alteración, preferiblemente tal como se describe en este documento. Los métodos para la transformación de una planta y la introducción de un transgén en el genoma de una planta son bien conocidos en la técnica anterior.

Por lo tanto, en una realización preferida se proporciona una planta en la que la introducción transgénica de la sustitución dentro de la proteína CENH3 se efectúa mediante la transformación de un vector como se define en la reivindicación 6.

Preferiblemente, para la transformación se utilizan la transformación mediada por *Agrobacterium*, el método de inmersión floral o el bombardeo de partículas.

En la realización preferida, en donde la secuencia de nucleótidos que codifica la proteína CENH3 mutada según la presente invención se transforma en la planta en forma de un transgén y uno o dos alelos del gen CENH3 endógeno se inactivan o anulan preferiblemente. Otra realización preferida, en la que la secuencia de nucleótidos que codifica la proteína CENH3 mutada según la presente invención se transforma en la planta en forma de un transgén y el transgén se sobreexpresa para que sea más competitivo como proteína CENH3 endógena y se prefiera durante la generación de un complejo cinetocoro.

La presente invención también proporciona una planta obtenible, en particular obtenida, mediante un método según la presente invención y que se caracteriza por tener la actividad biológica de un inductor de haploides.

En una realización preferida de la presente invención, el método para producir la planta que tiene actividad biológica de un inductor de haploides según la presente invención no es un método esencialmente biológico.

Además, la presente invención también proporciona un método para generar la planta que tiene actividad biológica de un inductor de haploides según la presente invención, que comprende los pasos de:

- 5 i) someter las semillas de una planta a una cantidad suficiente del mutágeno etilmetano sulfonato (EMS) para obtener plantas M1,
- ii) permitir una producción suficiente de plantas M2 fértiles,
- iii) aislar ADN genómico de plantas M2 y

- 10 iv) seleccionar individuos que posean una mutación que provoque una alteración de la secuencia de aminoácidos en el dominio CATD de CENH3 como se define en la reivindicación 1.

La presente invención se relaciona además en una realización preferida con un método para generar una planta que tiene actividad biológica de un inductor de haploides de acuerdo con la presente invención, que comprende los pasos de:

- i) proporcionar un vector como se define en la reivindicación 6,
- 15 ii) transformar una célula vegetal con el vector, en el que preferiblemente la célula vegetal comprende uno o dos alelos endógenos de un gen CENH3 inactivado o anulado, y
- iii) regenerar una planta que tiene la actividad biológica de un inductor haploide a partir de la célula vegetal.

La presente invención se relaciona además en una realización preferida con un método para generar una planta que tiene actividad biológica de un inductor de haploides de acuerdo con la presente invención, que comprende los pasos de:

- 20 a) transformar una célula vegetal con una secuencia de nucleótidos como se define en la reivindicación 5 o un vector como se define en la reivindicación 6, y
- b) regenerar una planta que tiene la actividad biológica de un inductor haploide a partir de la célula vegetal.

25 Sin estar ligado a la teoría, en la figura se proporciona un modelo posible de cómo funciona la eliminación cromosómica uniparental en el inductor CENH3 x embriones híbridos interespecíficos CENH3 de tipo salvaje. (A) Las células fecundables probablemente derivados del inductor haploide contienen menos CENH3 o, en comparación con el tipo salvaje, una "firma requerida de transgeneración de CENH3" desconocida y reducida. Una cantidad reducida de CENH3 materno es menos probable según los estudios realizados con un reportero CENH3-GFP en los núcleos de espermas de plantas *A. thaliana*, pero no en las células fecundables, están marcados por CENH3. Sin embargo, todavía es posible que los CENH3 maternos residuales, que generan una "impresión centromérica", se transmitan a la progenie. (B) Dentro de unas pocas horas después de la fertilización, también el CENH3 de tipo salvaje paterno se elimina activamente del núcleo del cigoto, y (C) la recarga centromérica de CENH3-GFP en el cigoto ocurre en la etapa de 16 núcleos del desarrollo del endospermo en *A. thaliana*. (D) En los embriones que experimentan haploidización, la recarga centromérica de los cromosomas maternos está alterada o retrasada, lo que causa retrasos en los cromosomas debido a la inactividad del centrómero durante la anafase. Posteriormente, los cromosomas inductores de haploides micronucleados se degradarán y (E) se desarrollará un embrión haploide. Los embriones haploides contienen cromosomas derivados del padre en el fondo del citoplasma derivado de la madre.

La presente invención también se refiere a una secuencia de nucleótidos de acuerdo con la reivindicación 5.

La presente invención también se refiere a un vector de acuerdo con la reivindicación 6.

- 40 En una realización particularmente preferida de la presente invención, la secuencia de nucleótidos que codifica al menos el dominio CATD de una proteína CENH3 comprende preferiblemente al menos la región codificante completa de CENH3, en particular el gen de CENH3.

45 En una realización más preferida de la presente invención, la secuencia codificante de CENH3 puede asociarse con elementos reguladores, tales como elementos reguladores 5' y/o 3', más preferiblemente con un promotor, preferiblemente un promotor constitutivo o inducible.

Además, la presente invención proporciona una célula vegetal que comprende dicha secuencia de nucleótidos o un vector que la comprende como un transgén.

50 En el contexto de la presente invención, el término "que comprende" como se usa aquí tiene el significado de "que incluye" o "que contiene", lo que significa que, además del elemento mencionado explícitamente, posiblemente estén presentes otros elementos.

En una realización preferida de la presente invención, el término 'que comprende' como se usa aquí también se entiende que significa 'que consiste en' excluyendo así la presencia de otros elementos además del elemento mencionado explícitamente.

- 5 En una realización preferida adicional, el término "que comprende", tal como se usa en el presente documento, también se entiende que significa "que consiste esencialmente en excluir de ese modo la presencia de otros elementos que proporcionen una contribución significativa a la enseñanza divulgada además del elemento mencionado explícitamente".

Otras realizaciones preferidas de la presente invención son el asunto objeto de las subreivindicaciones.

La invención se describirá ahora con algo más de detalle por medio de ejemplos no limitativos y dos figuras.

- 10 El protocolo de secuencia muestra:

SEQ ID No.1: la secuencia de consenso de aminoácidos de la hélice $\alpha 2$ de CENH3,

SEQ ID Nos. 2 a 32: secuencias de nucleótidos de cebadores utilizados en la presente enseñanza,

SEQ ID No. 33: la secuencia de nucleótidos de ADNc de la proteína β -CENH3 de tipo salvaje de *Hordeum vulgare*,

SEQ ID No. 34: la secuencia de aminoácidos de β -CENH3 de *Hordeum vulgare*,

- 15 SEQ ID No. 35: la secuencia de ADNc del β -CENH3 de *Hordeum vulgare* (mutante de la línea 4528 de TILLING),

SEQ ID No. 36: la secuencia de aminoácidos de β -CENH3 de *Hordeum vulgare* (mutante de la línea 4528 de TILLING),

SEQ ID No. 37: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *A. thaliana* CENH3,

SEQ ID No. 38: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *A. thaliana* CENH3,

- 20 SEQ ID No. 39: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la *A. thaliana* CENH3 mutada (mutante L a I),

SEQ ID No. 40: la secuencia de aminoácidos del *A. thaliana* CENH3 mutado (mutante L a I),

SEQ ID No. 41: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la *A. thaliana* CENH3 mutada (mutante L a F),

- 25 SEQ ID No. 42: la secuencia de aminoácidos del *A. thaliana* CENH3 mutado (mutante L a F),

SEQ ID No. 43: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *Beta vulgaris* CENH3,

SEQ ID No. 44: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *Beta vulgaris* CENH3,

- 30 SEQ ID No. 45: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de *Beta vulgaris* CENH3 (mutante L a F),

SEQ ID No. 46: la secuencia de aminoácidos de *Beta vulgaris* CENH3 mutado (mutante L a F),

SEQ ID No. 47: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de *Beta vulgaris* CENH3 (mutante L a I),

SEQ ID No. 48: la secuencia de aminoácidos de *Beta vulgaris* CENH3 mutado (mutante L a I),

- 35 SEQ ID No. 49: la secuencia consenso de aminoácidos del bucle1 de CENH3,

SEQ ID No. 50: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica de tipo salvaje (ADN genómico) de *B. napus* CENH3,

SEQ ID No. 51: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *B. napus* CENH3,

- 40 SEQ ID No. 52: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *B. napus* CENH3,

SEQ ID No. 53: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica de tipo salvaje (ADN genómico) de *S. bicolor* CENH3,

- SEQ ID No. 54: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *S. bicolor* CENH3,
- SEQ ID No. 55: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *S. bicolor* CENH3,
- 5 SEQ ID No. 56: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica de tipo salvaje (ADN genómico) de *Z. mays* CENH3,
- SEQ ID No. 57: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *Z. mays* CENH3,
- SEQ ID No. 58: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *Z. mays* CENH3,
- SEQ ID No. 59: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica de tipo salvaje (ADN genómico) de *B. vulgaris* CENH3,
- 10 SEQ ID No. 60: la secuencia de nucleótidos de la secuencia de codificación de tipo salvaje (ADNc) de *B. vulgaris* CENH3,
- SEQ ID No. 61: la secuencia de aminoácidos del tipo salvaje *B. vulgaris* CENH3,
- SEQ ID No. 62: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante P121S),
- 15 SEQ ID No. 63: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante P121S),
- SEQ ID No. 64: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante P121S),
- SEQ ID No. 65: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (parada W127 mutante),
- 20 SEQ ID No. 66: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. napus* mutada (parada W127 mutante),
- SEQ ID No. 67: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (parada W127 mutante),
- SEQ ID No. 68: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante L132F),
- 25 SEQ ID No. 69: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante L132F),
- SEQ ID No. 70: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante L132F),
- SEQ ID No. 71: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A138T),
- 30 SEQ ID No. 72: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A138T),
- SEQ ID No. 73: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A138T),
- SEQ ID No. 74: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante C153Y),
- 35 SEQ ID No. 75: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante C153Y),
- SEQ ID No. 76: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante C153Y),
- SEQ ID No. 77: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A154V),
- 40 SEQ ID No. 78: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A154V),
- SEQ ID No. 79: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. napus* mutada (mutante A154V),
- SEQ ID No. 80: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante A107T),

SEQ ID No. 81: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante A107T),

SEQ ID No. 82: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante A107T),

5 SEQ ID No. 83: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante Q114stop),

SEQ ID No. 84: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante Q114stop),

SEQ ID No. 85: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *Z. mays* mutada (mutante Q114stop),

10 SEQ ID No. 86: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de la CENH3 de *S. bicolor* mutada (mutante A95V),

SEQ ID No. 87: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *S. bicolor* mutada (mutante A95V),

SEQ ID No. 88: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *S. bicolor* mutada (mutante A95V),

15 SEQ ID No. 89: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L106Q),

SEQ ID No. 90: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L106Q),

SEQ ID No. 91: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L106Q),

20 SEQ ID No. 92: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L109P),

SEQ ID No. 93: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L109P),

SEQ ID No. 94: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante L109P),

25 SEQ ID No. 95: la secuencia de nucleótidos de la secuencia genómica (ADN genómico) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante Q110L),

SEQ ID No. 96: la secuencia de nucleótidos de la secuencia codificante (ADNc) de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante Q110L), y

SEQ ID No. 97: la secuencia de aminoácidos de la CENH3 de *B. vulgaris* mutada (mutante Q110L).

La Figura 1 muestra esquemáticamente un modelo mecánico de inducción haploide.

30 La Figura 2 muestra una alineación de las secuencias de aminoácidos de *Arabidopsis thaliana* (primera fila), *Beta vulgaris* (segunda fila), *Brassica napus* (tercera fila), *Zea mays* (cuarta fila), *Sorghum bicolor* (quinta fila), así como un diagrama que muestra el nivel de conservación de estas cinco especies de plantas.

Ejemplos

Ejemplo 1: Mutagénesis de la cebada α y *BCENH3* al direccionar lesiones locales EN genomas (TILLING)

35 Para identificar si una mutación de un solo punto de CENH3 endógeno podría dar como resultado en un inductor haploide una población de TILLING inducida por EMS de cebada diploide (*Hordeum vulgare*) (Gottwald et al., 2 (2009), BMC Res Notes, 258), se cribó una especie que codifica dos variantes funcionales de CENH3 (α y β CENH3) (Sanei et al., 108 (2011), Proc Natl Acad Sci USA, E498-505). Suponiendo que la complementación de cualquiera de las variantes de CENH3, una mutación funcional de α CENH3 o β CENH3 aún permitiría la generación de descendencia.

40 Para ello, se cribó una población de TILLING de 10.279 EMS trató plantas de cebada diploide (*Hordeum vulgare*) del cv. *Barke* para identificar los alelos mutantes de α y β CENH3. Se utilizaron combinaciones de cuatro y tres cebadores Hv_aCENH3_EX1+2+3_F: AGGCAGGGTCTCAATTCCTT (SEQ ID No. 2), Hv_aCENH3_EX1+2+3_R: GTCCCATCATCCATCGTCTT (SEQ ID No. 3), Hv_aCENH3_EX4+5_F: CCCACTTCCTTGTTGTGGAC (SEQ ID No. 4), Hv_aCENH3_EX4+5_R: GGCGATAAATGTATCTTGCAATC (SEQ ID No. 5), Hv_aCENH3_EX6_F: TGGTAGCAACCAGAGCTACG (SEQ ID No. 6), Hv_aCENH3_EX6_R: ACTGGCATGTTTCCTTCTGC (SEQ ID No. 7), Hv_aCENH3_EX7_F: CGGACGGAGGGAGTATTCT (SEQ ID No. 8), Hv_aCENH3_EX7_R: GGACATGCCCAAAGAAAGTG (SEQ ID No. 9), Hv_bCENH3_EX1+2_F: GCCAGCGAGTACTCCTACAAG (SEQ ID No. 10), Hv_bCENH3_EX1_R: TTGAGTTACCAGCCACCCTC (SEQ ID No. 11), Hv_bCENH3_EX3_F:

GTCATGCACTGTGTCTTGCA (SEQ ID No. 12), Hv_bCENH3_EX3_R: TGCTAAGATCGGATAACTGTGG (SEQ ID No. 13), Hv_bCENH3_EX4_F: TGCTCCTGAACAACTGAACC (SEQ ID No. 14), Hv_bCENH3_EX4_R: GTGGCCGTCAGTACAATCG (SEQ ID No. 15)

para amplificar todos los exones de las variantes de CENH3 α y β y partes de los intrones correspondientes, respectivamente, mediante el uso de PCR con un paso heterodúplex como se describió anteriormente (Gottwald et al., (2009), BMC Res Notes, 258). Los productos de PCR se digirieron con Kit de escisión de ADNbc y se analizaron con el Kit Mutation Discovery y Gel - kit de reactivos ADNbc en el sistema AdvanCETM FS96 de acuerdo con las pautas del fabricante (Advanced Analytical, IA, EE. UU.).

Extracción de ARN, PCR y RT-PCR cuantitativa en tiempo real

El ARN total se aisló de raíces, hojas usando el método Trizol (Chomczynski and Sacchi, 162 (1987), Anal Biochem, 156-159) de anteras (microscópicamente escalonada entre la meiosis y el desarrollo del polen maduro), carpelo, endospermo y embrión mediante el kit de aislamiento de ARN Picopure (Arcturus) según el fabricante. La ausencia de contaminación por ADN genómico se confirmó mediante PCR utilizando cebadores GAPDH (véase la Tabla 3). 10 μ l de mezcla de PCR contenían 1 μ l de molde de ADNc, 5 μ l de 2x Power SYBR Green PCR Master Mix (Applied Biosystems), 0.33 mM de los cebadores directo e inverso para cada gen (véase la Tabla 3). Las reacciones se realizaron en un sistema Fast Real-Time PCR de Applied Biosystems 7900HT. La PCR se realizó utilizando las siguientes condiciones: 95°C por 10 min, seguido de 40 ciclos a 95°C por 15 s, a la temperatura de hibridación de 60°C por 60 s. Se realizaron tres réplicas técnicas para cada muestra de ADNc. El sistema Fast Real-Time PCR y los datos se analizaron con el software SDS v 2.2.2. Los niveles de transcripción de cada gen se normalizaron a GAPDH mediante la siguiente fórmula: $R = 2^{-\Delta(-\Delta Ct)}$, donde R = cambios relativos, GOI = gen de interés y H = cuidador (GAPDH). La especificidad y la eficacia de ambos cebadores se determinaron mediante qRT-PCR utilizando una serie de diluciones de plásmidos de genes α y β CENH3 de cebada de longitud completa clonados. Un valor C_t (el ciclo de PCR en el que la señal fluorescente del colorante informador supera el nivel de fondo) para la misma cantidad de plásmido indica que ambos cebadores pueden amplificar transcritos específicos con la misma eficacia.

Tabla 3

Primer nombre	Secuencia (5' a 3')
GAPDH-F	CAATGATAGCTGCACCACCAACTG (SEQ ID No. 21)
GAPDH-R	CTAGCTGCCCTTCCACCTCTCCA (SEQ ID No. 22)
Hv α -F	AGTCGGTCAATTTTCTCATCCC (SEQ ID No. 23)
Hv α -R	CTCTGTAGCCTCTTGAAGTGC (SEQ ID No. 24)
Hv β -F	GCCATTGTGCAACAAGAAGG (SEQ ID No. 25)
Hv β -R	TAACACGGTGCGAATGAATG (SEQ ID No. 26)
CH3A+L130_F_for	phos-GACAGCTGAAGCATTTGTTGCTCTTC (SEQ ID No. 27)
CENH3L130_I_for	phos-GACAGCTGAAGCTATTGTTGCTCTTC (SEQ ID No. 28)
CENH3L130_F+I_rev	phos-CAACGATTGATTTGGGGAGGG (SEQ ID No. 29)
cenh3-1_mut_for	GGTGCGATTTCTCCAGCAGTAAAAATC (SEQ ID No. 30)
cenh3-1_mut_rev	CTGAGAAGATGAAGCACCGGCGATAT (SEQ ID No. 31)
cenh3-1_mut2429r	AACCTTTGCCATCCTCGTTTCTGTT (SEQ ID No. 32)

Solo se identificaron mutaciones puntuales de sentido contrario para ambas variantes de CENH3 de cebada.

La falta de funcionalidad de las CENH3 mutadas de mutantes M2 homocigóticos se analizó mediante inmunotinción de los centrómeros con anticuerpos específicos de la variante CENH3. Cromosomas mitóticos y meióticos de *H. vulgare* de tipo salvaje y línea homocigótica TILLING 4528 (planta según la presente invención) se sometieron a inmunotinción con anticuerpos específicos para α CENH3 y β CENH3. Las señales de α CENH3 y β CENH3 en los centrómeros se revelaron en todos los mutantes, mientras que solo la línea homocigota TILLING 4528 que contiene una sustitución de leucina por fenilalanina en el aminoácido 92 (SEQ ID No. 36), es decir, el aminoácido en la posición 4 de la secuencia consenso SEQ ID No 1, no mostró señales centroméricas de β CENH3 en células mitóticas, meióticas y en interfase. La sustitución de leucina por fenilalanina en el aminoácido 92 de SEQ ID No. 36 de la secuencia de β -CENH3 de *H. vulgare* corresponde a una sustitución de un solo nucleótido de C a T en la posición 274 de la secuencia de ADNc de β -CENH3 de *H. vulgare* (SEQ ID No. 35).

En esta línea, solo se encontraron señales débiles de β CENH3 dispersas fuera de los centrómeros. Se han medido los niveles de transcripción de α y β CENH3 en tipo salvaje (cv Barke) (SEQ ID no. 33 y 34) y la línea TILLING 4528

con β CENH3 mutado. El nivel de expresión relativo de α y β CENH3 se midió en diferentes tejidos usando cebadores específicos (Tabla 3). Se preparó ADNc a partir de ARN total y los niveles de expresión génica se normalizaron al nivel de expresión de gliceril fosfato deshidrogenasa (GRPTA). Obviamente, la carga centromérica de la variante β CENH3 mutada parece estar alterada, mientras que no se encontró un nivel de transcripción diferente entre el tipo salvaje y el β CENH3 mutado. Por lo tanto, los centrómeros compuestos exclusivamente de α CENH3 son suficientes para la función del centrómero mitótico en la cebada, ya que no se encontraron defectos obvios de segregación cromosómica, tal como puentes de anafase, así como cambios de ploidía o valores de ciclo. Además, no se observaron cambios evidentes en el habitus de la planta en las plantas mutantes. En particular, no se pudieron detectar diferencias significativas en el fenotipo, los niveles de ploidía, los valores del ciclo y el fenotipo de crecimiento entre las plantas homocigotas de la línea TILLING 4528 y la cebada de tipo salvaje.

Se abordó el problema de si la falta de β CENH3 se compensa con α CENH3 adicional para mantener la función del centrómero en el mutante. Por lo tanto, las señales de inmunotinción de α CENH3 de tipo salvaje (126 centrómeros medidos) y de la línea 4528 (56 centrómeros medidos) se cuantificaron comparativamente mediante mediciones de intensidad de píxeles. Un aumento del 19.8 % de α CENH3 en el mutante indica que el β CENH3 faltante se compensa parcialmente con α CENH3 incorporado adicionalmente. La mutación β CENH3 está ubicada en un dominio de direccionamiento evolutivamente altamente conservado (CATD) definido por partes de la hélice α 1, el bucle 1 y la hélice α 2 del pliegue de la histona. Este dominio es necesario para la carga del centrómero de CENH3 por chaperones.

Inmunotinción indirecta

La inmunotinción indirecta de núcleos y cromosomas se llevó a cabo como se describió anteriormente (Sanei et al., 108 (2011), Proc Natl Acad Sci USA, E498-505). Se detectó CENH3 de cebada con anticuerpos anti- α CENH3 específicos de cobaya y anticuerpos específicos de conejo anti- β CENH3. Se usó un anticuerpo específico de HTR12 de conejo (abcam, ab72001) para la detección de *A. thaliana* CENH3 (AtCENH3). Las señales de epifluorescencia se registraron con una cámara CCD enfriada (ORCA-ER, Hamamatsu). La obtención de imágenes se realizó utilizando un microscopio Olympus BX61 y una cámara CCD ORCA-ER (Hamamatsu). Para analizar las estructuras de las inmunoseñales y la cromatina a una resolución óptica de ~100 nm (superresolución) se aplicó Microscopía de Iluminación Estructurada (SIM) usando un objetivo C-Apo 63x/1.2W Korr de un sistema de microscopio Elyra y el software ZEN (Zeiss, Alemania). Las imágenes se capturaron por separado para cada fluorocromo usando filtros de excitación y emisión apropiados. Las imágenes se fusionaron utilizando el software Adobe Photoshop 6.0. Para determinar la cantidad de α y β CENH3 en los núcleos, se midieron las intensidades de fluorescencia utilizando el software TINA 2.0 en proyecciones de máxima intensidad generadas a partir de apilamientos de secciones SIM ópticas a través de las muestras mediante el software ZEN. Se estableció un umbral de intensidad para restar computacionalmente los píxeles de fondo de la imagen. La suma corregida de los valores grises de todas las señales dentro del núcleo se utilizó para determinar el contenido de CENH3. La representación 3D basada en apilamientos de imágenes SIM se realizó utilizando el software ZEN.

Ejemplo 2: *Arabidopsis thaliana*

Para probar si la mutación en el dominio CATD causó la carga alterada del centrómero observada, eYFP se fusionó en el extremo N con la secuencia de codificación (CDS) de CENH3 de *A. thaliana* (SEQ ID No. 37, proteína: SEQ ID No. 38) con un L/I (leucina/isoleucina) (CDS: SEQ ID No. 39, proteína SEQ ID No. 40) o L/F (leucina/fenilalanina) (CDS: SEQ ID No. 41, proteína SEQ ID No. 42) intercambio de las posiciones correspondientes (L130I o L130F, correspondiente a la posición de aminoácido 92 en β CENH3 de cebada, es decir, la posición de aminoácido 4 de la secuencia consenso SEQ ID No. 1) en CENH3 de *A. thaliana*. La sustitución de leucina por isoleucina en la posición 130 de *A. thaliana* corresponde a una única sustitución de nucleótido de C a A en la posición 388 de SEQ ID no. 37.

La sustitución de aminoácidos de leucina a fenilalanina en la posición 130 es causada por dos sustituciones de nucleótidos, a saber, TC a AT en las posiciones 387 y 388 de SEQ ID No. 37.

Doble marcaje de transgénicos *A. thaliana* con el CENH3 de tipo anti-salvaje correspondiente y el anti-GFP revelaron una focalización significativamente reducida en el centrómero de los CENH3 mutados.

A continuación, para probar la capacidad inductora de haploides se utilizaron constructos genómicos de CENH3 de *A. thaliana* con un intercambio L130I o L130F para transformar plantas heterocigotas de *A. thaliana* con inactivación de CENH3 Ravi and Chan, Nature, 464 (2010), 615-618). El genotipificado identificó mutantes nulos homocigóticos de CENH3 que se complementaron con constructos genómicos de CENH3 de tipo salvaje, L130I o L130F. Como se obtuvieron plantas diploides viables que contenían cualquiera de los constructos, es probable que esta mutación no perjudique la función del centrómero en plantas homocigotas de *A. thaliana*. Cuando los mutantes nulos de CENH3 que expresan una proteína L130F CENH3 con mutación puntual se cruzaron con el tipo salvaje, los cromosomas del mutante se eliminaron, produciendo una progenie haploide. El análisis de citometría de flujo reveló que el 10.7% de las plantas F1 eran haploides.

Clonación y generación de transgenes CENH3

Para generar fragmentos genómicos de *CENH3* portadores de mutaciones, lo que da como resultado fenilalanina 130 (F130) e isoleucina 130 (I130) en lugar de leucina 130 de tipo salvaje (L130), un fragmento genómico de CENH3 en

el vector pCAMBIA1300 utilizado para complementar *cenh3-1/cenh3-1* (*cenh3* mutante nulo) (Ravi and Chan, Nature, 464 (2010), 615-618; Ravi et al., Genetics, 186 (2010), 461-471) fue subclonado a través de los sitios únicos *HindIII* y *BamHI* en pBlueScript II KS (Stratagene, www.stratagene.com). Las mutaciones de CENH3, L130I o L130F se generaron en pBlueScript II KS usando un Kit Phusion® de mutagénesis dirigida al sitio (Finnzymes, www.finnzymes.com) de acuerdo con las instrucciones del fabricante con cambios menores como se describe. Se utilizaron los siguientes cebadores fosforilados en 5' para la mutagénesis: CH3A+L130_F_for, CENH3L130_I_for y CENH3L130_F+I_rev. Los fragmentos genómicos de CENH3 mutados se subclonaron a través de los sitios únicos *HindIII* y *BamHI* en el pCAMBIA1300 inicial que contenía un marcador de resistencia a la higromicina. Todas las construcciones fueron verificadas por secuenciación. Para los cebadores, véase la Tabla 3, anterior.

Para generar los constructos de fusión *p35S::eYFP-CENH3* que contienen mutaciones dentro de la *CENH3* CDS, dando como resultado L130I o L130F, se utilizó como plantilla un plásmido (p35S-BM; Schmidt, www.dna-cloning.com) que contenía una expresión *p35S::eYFP-CENH3* (Lermontova, 18 (2006), Plant Cell, 615-618) para el Kit Phusion® de mutagénesis dirigida al sitio (Finnzymes, www.finnzymes.com). Los cebadores y las estrategias para introducir las mutaciones deseadas fueron los mismos que los anteriores. Los casetes de expresión resultantes (35Spro, eYFP-(mutado)*CENH3* y terminador *NOS*) se subclonaron a través de sitios de restricción *SfiI* únicos en el vector pLH7000 que contenía un marcador de resistencia a la fosfinotricina (Schmidt, www.dna-cloning.com) y verificado por secuenciación.

Transformación de plantas, condiciones de cultivo y polinización cruzada.

Plantas heterocigotas *A. thaliana* de tipo salvaje (SEQ ID No. 37 y 38) y *cenh3-1/CENH3* (ambas de la accesión Columbia-0) fueron transformadas por el método de inmersión floral (Clough and Bent, 16 (1998), Plant J, 735-743). Las progenies transgénicas se seleccionaron en medio sólido de Murashige y Skoog que contenía el antibiótico correspondiente. Las plantas se germinaron en placas de Petri en condiciones de día largo (20 °C 16 h de luz/18 °C 8 h de oscuridad), se cultivaron durante 4 semanas en condiciones de día corto (20 °C 8 h de luz/18 °C 16 h de oscuridad) y luego se cambiaron a condiciones de día largo de nuevo. Para el cruce, los brotes cerrados de mutantes *cenh3 A. thaliana* fueron emasculados extrayendo las anteras inmaduras con la ayuda de fórceps. Los estigmas de las yemas emasculadas se fertilizaron con el polen amarillento de las anteras maduras de flores de tipo salvaje de *A. thaliana* recién abiertas.

Extracción de ADN y genotipificado de *A. thaliana*

Las preparaciones de ADN genómico y el genotipificado basado en PCR se realizaron utilizando métodos estándar, el ADN se extrajo de acuerdo con Edwards et al. (1991), Nucleic Acids Res 19, 1349,

Las plantas fueron genotipificadas para *cenh3-1* en una reacción de genotipificado dCAPS. Los cebadores dCAPS, *cenh3-1mut_for* y *cenh3-1_mut_rev*, se usaron para amplificar *CENH3*. Los amplicones se digirieron con *EcoRV* y se resolvieron en un gel. El alelo mutante *cenh3-1* no se corta (215 pb) mientras que el alelo WT *CENH3* se corta (191 y 24 pb). Para los cebadores, véase la Tabla 3. Para genotipificar el locus *CENH3* endógeno para *cenh3-1* en la descendencia de plantas *cenh3-1/CENH3* transformadas con el locus *CENH3* genómico (transgén *CENH3* no marcado con L130, L130I o L130F), se realizó una reacción de PCR inicial con un cebador fuera del locus *CENH3* del transgén, lo que permitió la amplificación específica del locus *CENH3* endógeno y no transgénico. Los cebadores usados fueron *cenh3-1_mut_for* y *cenh3-1_mut2320r/cenh3-1_mut2429r*. Los amplicones se purificaron y usaron como plantilla para una segunda reacción de genotipificado de PCR con dCAPS como se describió anteriormente para plantas *cenh3-1*. Para los cebadores, véase la Tabla 3. La presencia de transgén se verificó por PCR.

Análisis de citometría de flujo de plantas y semillas.

Para los análisis de ploidía de citometría de flujo de plantas, se cortaron simultáneamente cantidades iguales de material foliar de 5 a 10 individuos en tampón de aislamiento de núcleos (Galbraith et al. (1983), Science 220, 1049-1051) complementado con RNasa libre de DNAs (50 µg/ml) y yoduro de propidio (50 µg/ml) con una hoja de afeitar afilada. Las suspensiones de núcleos se filtraron a través de un filtro de células de 35 µm en tubos de poliestireno de 5 ml (BD Biosciences) y se midieron en un clasificador de células FACStar^{PLUS} (BD Biosciences) equipado con un láser de iones de argón INNOVA 90C (Coherent). Se midieron y analizaron aproximadamente 10,000 núcleos usando el software CELL Quest ver. 3.3 (BD Biosciences), los histogramas resultantes se compararon con un histograma de referencia que representaba una planta diploide de tipo salvaje. En los casos en los que se detectó un pico adicional en la posición haploide, las plantas se midieron individualmente de nuevo para identificar a los individuos haploides.

El aislamiento de núcleos de las semillas se realizó como se describe anteriormente utilizando el tampón de aislamiento de núcleos MA VI (100 mM Tris-HCl, 5.3 mM MgCl₂, NaCl 86 mM, citrato de sodio 30.6 mM, Triton X-100 1.45 mM, pH 7.0; complementado con 50 µg/ml de RNasa libre de DNAs y 50 µg/ml de yoduro de propidio). Las suspensiones de núcleos se midieron en un clasificador de células FACS Aria (BD Biosciences) y se analizaron usando el software FACS Diva ver. 6.1.3 (BD Biosciences). De manera similar a lo anterior, las primeras 10 a 20 semillas se agruparon para identificar líneas con embriones haploides y, en un segundo paso, semillas individuales se cortaron junto con material foliar de *Raphanus sativus* (Genebank Gatersleben, número de acceso: RA 34) como referencia interna para confirmar la ocurrencia de semillas haploides.

Ejemplo 3: *Beta vulgaris*

Además, la importancia funcional de la mutación identificada también se analizó en la remolacha azucarera. *Beta vulgaris*. Se generaron constructos de indicadores RFP que contienen el ADNc de *Beta vulgaris* CENH3 (SEQ ID No. 43, proteína SEQ ID No. 44) con un intercambio L106F (SEQ ID No. 45, proteína SEQ ID No. 46) o L106I (SEQ ID No. 47, proteína SEQ ID No. 48) (correspondiente a la posición de aminoácido 92 de la cebada, la posición de aminoácido 4 de la secuencia consenso SEQ ID No. 1) y se usaron para la transformación estable de la remolacha azucarera y se detectó un direccionamiento reducido en el centrómero de las CENH3 mutadas.

La sustitución de aminoácidos de leucina a fenilalanina en la posición 106 es causada por dos sustituciones de nucleótidos, a saber, C a T en la posición 316 y G a T en la posición 318 de SEQ ID no. 43.

La sustitución de aminoácidos de leucina a isoleucina en la posición 106 es causada por dos sustituciones de nucleótidos, a saber, C por A en la posición 316 y G por T en la posición 318 de SEQ ID no. 43.

Transformación de plantas y condiciones de cultivo

Se transformaron hojas de tipo salvaje de *Beta vulgaris* de plantas de 6 a 8 semanas de edad (cultivadas en condiciones de invernadero semicontroladas) transientemente mediante bombardeo con partículas (300 µg de oro recubierto con 0.5 µg de ADN plasmídico). Las hojas bombardeadas se incubaron durante 48 - 72 h (25 °C, 16 h de luz (350 µmolm⁻²s⁻¹)/ 8h oscuridad) antes del análisis microscópico. La transformación estable de callo de *B. vulgaris* se realizó como se describe en Lindsey & Gallois, 1990 (*Journal of experimental botany*, 41(5), 529-536) (selección vía kanamicina). Después de aprox. 2 meses (24°C 16 h luz (55 µmolm⁻²s⁻¹)/8 h de oscuridad) se analizaron microscópicamente las células del callo.

Clonación y generación de transgenes de *CENH3*

Para generar el constructo de fusión 35S::RFP-CENH3, CENH3 se amplificó a partir de ADNc de remolacha azucarera con los siguientes cebadores:

BvCENH3-cds1: GGATCCATGAGAGTTAAACACACTGC (SEQ ID No. 16), BvCENH3-cds2: GGATCCTGTTCAAGTTACCATCCCCTC (SEQ ID No. 17),

clonado en un vector que contiene un casete de expresión 35Pro, RFP y 35S-terminador. Para constructos que contienen mutaciones dentro de la secuencia de codificación CENH3, lo que resulta en F106 e I106 en lugar de L106, el plásmido mencionado anteriormente que contiene el casete de expresión 35S::RFP-CENH3 se usó como plantilla para la mutagénesis basada en cebadores. El sitio *Pst*I cercano a la posición de la mutación deseada se usó para dividir CENH3 en dos partes. A través de mutaciones en los cebadores se integraron las mutaciones deseadas:

BvCENH3 mut Fw: ATGGATCCATGAGAGTTAAACACACTGC (SEQ ID No. 18), BvCENH3_L->F_Rv: CTCTGCAGCCTCTTGAAGGGCCATAAAAGC (SEQ ID No. 19), BvCENH3_L->I_Rv: CTCTGCAGCCTCTTGAAGGGCCATAATAGC (SEQ ID No. 20).

Casetes de expresión resultantes (35Spro, RFP-(mutado)CENH3 y 35S-terminador) fueron verificados por secuenciación.

Análisis de unión a CENH3 en *B. vulgaris*

Para analizar la unión de CENH3 y CENH3 mutado, se analizó material de hoja o callo utilizando un objetivo Korr C-Apo 63x/1.2W de un sistema de microscopio Axio Imager M2 y el software ZEN (Zeiss, Alemania).

Ejemplo 4: Identificación y prueba de otros mutantes de CENH3

Para la identificación de otras mutaciones de un solo punto dentro del gen endógeno de CENH3 que provocan una sustitución de aminoácidos o una delección de uno o más aminoácidos de la secuencia del CENH3 traducido. Incluso si Ravi und Chan 2010 destacaron solo la importancia particular del dominio N terminal, los estudios descritos anteriormente sobre mutantes en otra parte de CENH3 como α2-helix (Ejemplo 1 a 3) dieron indicaciones de que la modificación del dominio CATD de CENH3 puede resultar en una desestabilización de las capacidades de unión a CENH3 al ADN. Por lo tanto, la atención se centró en la identificación de otras mutaciones dentro de CATD, en particular en bucle1 y la hélice α2. Adicionalmente, debe demostrarse que debido al alto nivel de conservación del dominio CATD entre las especies, una mutación identificada tiene el potencial de conferir la actividad biológica de un inductor haploide a diferentes especies de plantas.

Para ello, se han generado poblaciones de TILLING que tienen altas tasas de mutación para otras dos plantas monocotiledóneas, a saber, para el maíz (*Zea mays*) y sorgo (*Sorghum bicolor*), y para dos plantas dicotiledóneas, a saber, semillas de colza (*Brassica napus*) y remolacha azucarera (*Beta vulgaris*). Con el fin de detectar mutaciones en el gen CENH3 endógeno que dan como resultado al menos una sustitución de un aminoácido o una delección de al menos un aminoácido en el dominio CATD de la proteína CENH3 traducida, los amplicones que cubren todos los exones de los genes CENH3, así como partes de los intrones correspondientes, respectivamente, se han desarrollado

como el ejemplo descrito anteriormente para la cebada (Ejemplo 1) y se han analizado entre 1000 y 10000 individuos por especie de planta mediante el método de secuenciación de Sanger. Además, las plantas de remolacha azucarera M2 han sido analizadas para detectar mutaciones utilizando PCR específico.

Además, el efecto de la mutación identificada dentro del gen CENH3 sobre la estructura primaria y secundaria de la proteína codificada se ha evaluado utilizando, entre otros, el software Prof (Rost, B. and Sander, C. (1994a). Combinando información evolutiva y redes neuronales para predecir la estructura secundaria de proteínas. *Proteins*, 19(1), 55-72. Rost, B. and Sander, C. (1994b). Conservación y predicción de la accesibilidad de disolventes en familias de proteínas. *Proteins*, 20(3), 216-26. Rost, B., Casadio, R., Fariselli, P., and Sander, C. (1995). Hélices transmembrana predichas con un 95 % de precisión. *Protein Sci*, 4(3), 521-33.).

La falta de funcionalidad de los CENH3 mutados de mutantes homocigóticos se ha probado, por ejemplo, mediante inmunotinción de centrómeros con anticuerpos específicos de CENH3 como se ha descrito anteriormente (Ejemplos 1 y 2). Las líneas TILLING identificadas mostraron una carga centromérica significativamente reducida o deteriorada por el CENH3 mutado. Las plantas que tenían un genoma que era heterocigoto para tales mutaciones eran viables y no se observaron cambios obvios en el hábito de la planta, es decir, el fenotipo, los niveles de ploidía, los valores del ciclo y el crecimiento fueron comparables a las correspondientes plantas de tipo salvaje con respecto a la precisión estadística.

La actividad biológica de un inductor haploide en los mutantes identificados se evaluó cruzando las plantas mutantes con una planta de prueba de la misma especie: La planta de prueba lleva la forma de tipo salvaje de CENH3. Se ha probado el rendimiento tanto materno como paterno de la inducción haploide. Para ello, las plantas mutantes se han utilizado como progenitores de óvulos o como progenitores de polen en el cruce con la planta de ensayo. La supuesta progenie haploide de este cruce se puede determinar rápidamente si las líneas de prueba usadas portan una mutación recesiva no CENH3. Entonces, las plantas haploides muestran el fenotipo recesivo. Por ejemplo, en el maíz se puede usar la manifestación de la mutación *glossy* (Mutants of maize, Neuffer, MG et al. 1997. Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York). La progenie haploide de estos cruces se puede determinar rápidamente si las líneas de prueba usadas portan una mutación recesiva no CENH3. Entonces, las plantas haploides muestran el fenotipo recesivo. Por ejemplo, en el maíz se puede usar la manifestación de la mutación *glossy* (Mutants of maize, Neuffer, MG et al. 1997. Cold Spring Harbor Laboratory, Nueva York).

Además, los análisis citogenéticos de mitosis y meiosis con los inductores indican también la idoneidad de los mutantes como inductores haploides y se ha determinado la homocigosidad mediante el uso de marcadores moleculares, polimórficos para el probador y el inductor potencial. La haploidía como tal podría probarse citogenéticamente.

Las siguientes tablas muestran las mutaciones de sentido contrario y delección que confieren la actividad biológica de un inductor haploide a las especies de plantas investigadas:

Tabla 4: mutación del CENH3 derivada de *Brassica napus* (aa: aminoácido; nd: no determinado, y: sí, n: no). La sustitución de aminoácidos se da como X#Y, es decir, el aminoácido X (código de una letra) se sustituye por el aminoácido Y en la posición #.

identificador de mutación (SEQ ID Nos de ADN genómico; ADNc; aminoácido)	codón de tipo salvaje	mutante de codón	mutación	oportunidad en la estructura secundaria
BN_CenH3_26 (62; 63; 64)	cct	tct	P121S	n
BN_CenH3_27 (65; 66; 67)	tgg	tga	W127stop	n
BN_CenH3_28 (68; 69; 70)	ctt	ttt	L132F	y
BN_CenH3_29 (71; 72; 73)	gcg	acg	A138T	n
BN_CenH3_30 (74; 75; 76)	tgc	tac	C153Y	y
BN_CenH3_31 (77; 78; 79)	get	gtt	A154V	y

Tabla 5: mutación del CENH3 derivada de *Zea mays* (aa: aminoácido; nd: no determinado, y: sí, n: no). La sustitución de aminoácidos se da como X#Y, es decir, el aminoácido X (código de una letra) se sustituye por el aminoácido Y en la posición #.

identificador de mutación (SEQ ID Nos de ADN genómico; ADNc; aminoácido)	codón de tipo salvaje	mutante de codón	mutación	oportunidad en la estructura secundaria
ZM_CenH3_07 (80; 81; 82)	gca	aca	A107T	nd

identificador de mutación (SEQ ID Nos de ADN genómico; ADNc; aminoácido)	codón de tipo salvaje	mutante de codón	mutación	oportunidad en la estructura secundaria
ZM_CenH3_08 (83; 84; 85)	caa	taa	Q114stop	nd

Tabla 6: mutación del CENH3 derivada de *Sorghum bicolor* (aa: aminoácido; nd: no determinado, y: sí, n: no). La sustitución de aminoácidos se da como X#Y, es decir, el aminoácido X (código de una letra) se sustituye por el aminoácido Y en la posición #.

identificador de mutación (SEQ ID Nos de ADN genómico; ADNc; aminoácido)	codón de tipo salvaje	mutante de codón	mutación	oportunidad en la estructura secundaria
SB_CenH3_04 (86; 87; 88)	gca	gta	A95V	nd

5

Tabla 7: mutación del CENH3 derivada de *Beta vulgaris* (nd: no determinado, y: sí, n: no). La sustitución de aminoácidos se da como X#Y, es decir, el aminoácido X (código de una letra) se sustituye por el aminoácido Y en la posición #.

identificador de mutación (SEQ ID Nos de ADN genómico; ADNc; aminoácido)	codón de tipo salvaje	mutante de codón	mutación	oportunidad en la estructura secundaria
Bv_CENH3_04 (89; 90; 91)	ctg	cag	L106Q	nd
Bv_CENH3_05 (92; 93; 94)	ctt	cct	L109P	nd
Bv_CENH3_06 (95; 96; 97)	caa	cta	Q110L	nd

10 Los cruces con las plantas de ensayo y las plantas TILLING con CENH3 endógeno mutado produjeron al menos un 0.5 % de progenie haploide. por ejemplo, en *Brassica napus* las mutaciones C153Y y A154V mostraron tasas de inducción entre 0.5% y 1%. En unos pocos casos se pueden alcanzar índices de inducción del 2% o más. Con frecuencia, la tasa de inducción era más alta si el probador se usaba como progenitor masculino en el cruce.

15 Además, el resultado del cruce demostró que las mutaciones identificadas podrían ser funcionales también en otras especies de plantas. Por lo tanto, la mutación en la posición 4 de aminoácido de la secuencia consenso SEQ ID No. 1, en la que la leucina ha sido sustituida por fenilalanina, creó actividad de inducción en *Hordeum vulgare* (L92F) como se muestra en los ejemplos 1 a 3 pero también en *Brassica napus* (L132F). Por lo tanto, las mutaciones podrían introducirse en otras especies de plantas mediante técnicas como TILLING, mutagénesis o edición del genoma (por ejemplo, CRISPR/Cas, TALEN, nucleasas con dedos de zinc *etc.*). Además, la actividad biológica y la eficacia de un inductor de haploides podrían mejorarse adicionalmente combinando diferentes mutaciones identificadas en una planta y/o modificando los antecedentes genéticos del inductor de haploides. La combinación de diferentes mutaciones podría lograrse de manera eficiente mediante la edición del genoma, o el inductor haploide mutante se mutageniza por segunda vez.

Listado de secuencias

25

<110> KWS SAAT SE

<120> Generación de plantas haploides

<130> KWS0219PCT

<150> EP 14182719.6

30 <151> 2014-08-28

<150> EP 14004389.4

<151> 2014-12-23

<160> 97

<170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

5 <211> 29

<212> PRT

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> secuencia consenso de aminoácidos de la hélice alfa-2 del CENH3

10 <400> 1

Ala	Glu	Ala	Leu	Leu	Ala	Leu	Gln	Glu	Ala	Ala	Glu	Asp	Phe	Leu	Val
1				5					10					15	
His	Leu	Phe	Glu	Asp	Ala	Met	Leu	Cys	Ala	Ile	His	Ala			
			20					25							

<210> 2

<211> 20

<212> ADN

15 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 2

aggcaggggtc tcaattcctt 20

20 <210> 3

<211> 20

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

25 <223> Cebador

<400> 3

gtcccatcat ccatcgtctt 20

<210> 4

<211> 20

30 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Cebador

<400> 4

cccacttcct tgtgtggac 20
 <210> 5
 <211> 23
 <212> ADN
 5 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 5
 ggcgataaat gtatcttgca ttc 23
 10 <210> 6
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 15 <223> Cebador
 <400> 6
 tggtagcaac cagagctacg 20
 <210> 7
 <211> 20
 20 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 7
 25 actggcatgt ttcttctgc 20
 <210> 8
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 30 <220>
 <223> Cebador
 <400> 8
 cggacggagg gagtatttct 20
 <210> 9
 35 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Cebador
 <400> 9
 ggacatgcc aaaagt 20
 5 <210> 10
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 10 <223> Cebador
 <400> 10
 gccagcgagt actcctaca g 21
 <210> 11
 <211> 21
 15 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 11
 20 ttgagttacc agccaccact c 21
 <210> 12
 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 25 <220>
 <223> Cebador
 <400> 12
 gtcagtcact gtgtcttgca 20
 <210> 13
 30 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 35 <400> 13
 tgctaagatc ggataactgt gg 22
 <210> 14

<211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 5 <223> Cebador
 <400> 14
 tgctcctgaa caaactgaac c 21
 <210> 15
 <211> 19
 10 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 15
 15 gtggccgtca gtacaatcg 19
 <210> 16
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 20 <220>
 <223> Cebador
 <400> 16
 ggatccatga gagttaaaca cactgc 26
 <210> 17
 25 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 30 <400> 17
 ggatcctgtt cagttacat cccctc 26
 <210> 18
 <211> 28
 <212> ADN
 35 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador

<400> 18
 atggatccat gagagttaa cacactgc 28
 <210> 19
 <211> 30
 5 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 19
 10 ctctgcagcc tctgaagg ccataaaagc 30
 <210> 20
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 15 <220>
 <223> Cebador
 <400> 20
 ctctgcagcc tctgaagg ccatatagc 30
 <210> 21
 20 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 25 <400> 21
 caatgatagc tgcaccacca actg 24
 <210> 22
 <211> 23
 <212> ADN
 30 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 22
 ctagctgccc ttccacctct cca 23
 35 <210> 23
 <211> 22
 <212> ADN

<213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 23
 5 agtcggtcaa ttttctcatc cc 22
 <210> 24
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 10 <220>
 <223> Cebador
 <400> 24
 ctctgtagcc tctgaactg c 21
 <210> 25
 15 <211> 20
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Cebador
 20 <400> 25
 gccattgtcg aaaagaaggg 20
 <210> 26
 <211> 20
 <212> ADN
 25 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 26
 taacacggtg cgaatgaatg 20
 30 <210> 27
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 35 <223> Cebador
 <400> 27
 gacagctgaa gcattgttg ctcttc 26

<210> 28
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 5 <220>
 <223> Cebador
 <400> 28
 gacagctgaa gctattgtg ctcttc 26
 <210> 29
 10 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial
 <220>
 <223> Cebador
 15 <400> 29
 caacgattga ttgggggagg g 21
 <210> 30
 <211> 27
 <212> ADN
 20 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 <223> Cebador
 <400> 30
 ggtgcgattt ctccagcagt aaaaatc 27
 25 <210> 31
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>
 30 <223> Cebador
 <400> 31
 ctgagaagat gaagcaccgg cgatat 26
 <210> 32
 <211> 25
 35 <212> ADN
 <213> Secuencia Artificial
 <220>

<223> Cebador

<400> 32

aacttttgcc atcctcggtt ctgtt 25

<210> 33

5 <211> 420

<212> ADN

<213> Hordeum vulgare

<400> 33

atggctcgca cgaagaaaac ggtggcggcg aaggagaagc gcccccttg ctccaagtcg	60
gagccgcagt cgcagccgaa gaagaaggag aagcgggcgt accggttccg gccgggcacg	120
gtggcgctgc gggagatccg gaagtaccgc aagtccacca atatgctcat cccctttgcg	180
cccttcgtcc gcctggtcag ggacatcgcc gacaacttga cgccattgtc gaacaagaag	240
gagagcaagc cgacgccatg gactcctctc gcgctcctct cgttgcaaga gtctgcagag	300
tatcacttgg tcgatctatt tggaaaggca aatctgtgtg ccattcattc gcaccgtgtt	360
accatcatgc taaaggacat gcagcttgcg aggcgtatcg ggacgagaag cctttggtga	420

10 <210> 34

<211> 139

<212> PRT

<213> Hordeum vulgare

<400> 34

Met	Ala	Arg	Thr	Lys	Lys	Thr	Val	Ala	Ala	Lys	Glu	Lys	Arg	Pro	Pro	1	5	10	15
Cys	Ser	Lys	Ser	Glu	Pro	Gln	Ser	Gln	Pro	Lys	Lys	Lys	Glu	Lys	Arg	20	25	30	
Ala	Tyr	Arg	Phe	Arg	Pro	Gly	Thr	Val	Ala	Leu	Arg	Glu	Ile	Arg	Lys	35	40	45	
Tyr	Arg	Lys	Ser	Thr	Asn	Met	Leu	Ile	Pro	Phe	Ala	Pro	Phe	Val	Arg	50	55	60	
Leu	Val	Arg	Asp	Ile	Ala	Asp	Asn	Leu	Thr	Pro	Leu	Ser	Asn	Lys	Lys	65	70	75	80
Glu	Ser	Lys	Pro	Thr	Pro	Trp	Thr	Pro	Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Leu	Gln	85	90	95	
Glu	Ser	Ala	Glu	Tyr	His	Leu	Val	Asp	Leu	Phe	Gly	Lys	Ala	Asn	Leu	100	105	110	
Cys	Ala	Ile	His	Ser	His	Arg	Val	Thr	Ile	Met	Leu	Lys	Asp	Met	Gln	115	120	125	
Leu	Ala	Arg	Arg	Ile	Gly	Thr	Arg	Ser	Leu	Trp						130	135		

15

<210> 35

<211> 420

<212> ADN

<213> Hordeum vulgare (Línea Tilling 4528 Mutante)

<400> 35

```

          atggctcgca cgaagaaaac ggtggcggcg aaggagaagc gcccccttg ctccaagtcg      60
          gagccgcagt cgcagccgaa gaagaaggag aagcgggcgt accggttccg gccgggcacg      120
          gtggcgctgc gggagatccg gaagtaccgc aagtcacca atatgctcat cccctttgcg      180
          ccttcgtcc gcctggtcag ggacatcgcc gacaacttga cgccattgtc gaacaagaag      240
          gagagcaagc cgacgccatg gactcctctc gcgttcctct cgttgcaaga gtctgcagag      300
          tatcacttgg tcgatctatt tggaaaggca aatctgtgtg ccattcattc gcaccgtgtt      360
5         accatcatgc taaaggacat gcagcttgcg aggcgtatcg ggacgagaag cctttggtga      420

```

<210> 36

<211> 139

<212> PRT

<213> Hordeum vulgare (Línea Tilling 4528 Mutante)

10 <400> 36

```

Met Ala Arg Thr Lys Lys Thr Val Ala Ala Lys Glu Lys Arg Pro Pro
 1          5          10
Cys Ser Lys Ser Glu Pro Gln Ser Gln Pro Lys Lys Lys Glu Lys Arg
 20          25          30
Ala Tyr Arg Phe Arg Pro Gly Thr Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg Lys
 35          40          45
Tyr Arg Lys Ser Thr Asn Met Leu Ile Pro Phe Ala Pro Phe Val Arg
 50          55          60
Leu Val Arg Asp Ile Ala Asp Asn Leu Thr Pro Leu Ser Asn Lys Lys
 65          70          75          80
Glu Ser Lys Pro Thr Pro Trp Thr Pro Leu Ala Phe Leu Ser Leu Gln
 85          90          95
Glu Ser Ala Glu Tyr His Leu Val Asp Leu Phe Gly Lys Ala Asn Leu
100          105          110
Cys Ala Ile His Ser His Arg Val Thr Ile Met Leu Lys Asp Met Gln
115          120          125
Leu Ala Arg Arg Ile Gly Thr Arg Ser Leu Trp
130          135

```

<210> 37

<211> 537

<212> ADN

15 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 37

atggcgagaa ccaagcatcg cgttaccagg tcacaacctc ggaatcaaac tgatgccgcc 60
 ggtgcttcat ctctcaggc ggcaggtcca actacgaccc cgacaaaggag aggcggtgaa 120
 ggtggagata atactcaaca aacaaatcct acaacttcac cagctactgg tacaaggaga 180
 ggggctaaga gatccagaca ggctatgcca cgaggtcac agaagaagtc ttatcgatac 240
 aggccaggaa ccgttgctct aaaagagatt cgccatttcc agaagcagac aaaccttctt 300
 attccggctg ccagtttcat aagagaagtg agaagtataa cccatatgtt ggccccctcc 360
 caaatcaatc gttggacagc tgaagctctt gttgctcttc aagaggcggc agaagattac 420
 ttggttggtt tgttctcaga ttcaatgctc tgtgctatcc atgcaagacg tgttactcta 480
 atgagaaaag actttgaact tgcacgccgg cttggaggaa aaggcagacc atggtga 537

<210> 38

<211> 178

5 <212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 38

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

10 <210> 39

<211> 537

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 39

```

atggcgagaa ccaagcatcg cgttaccagg tcacaacctc ggaatcaaac tgatgccgcc      60
gggtgcttcat cttctcaggc ggcagggtcca actacgaccc cgacaaggag aggcggtgaa      120
gggtggagata atactcaaca aacaaatcct acaacttcac cagctactgg tacaaggaga      180
ggggctaaga gatccagaca ggctatgccca cgaggctcac agaagaagtc ttatcgatac      240
aggccaggaa ccgttgctct aaaagagatt cgccatttcc agaagcagac aaaccttctt      300
attccggctg ccagtttcat aagagaagtg agaagtataa cccatatgtt ggccccctcc      360
caaatcaatc gttggacagc tgaagctatt gttgctcttc aagaggcggc agaagattac      420
ttggttggtt tgttctcaga ttcaatgctc tgtgctatcc atgcaagacg tgttactcta      480
atgagaaaag actttgaact tgcacgccgg cttggaggaa aaggcagacc atggtga      537

```

<210> 40

5 <211> 178

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 40

```

Met Ala Arg Thr Lys His Arg Val Thr Arg Ser Gln Pro Arg Asn Gln
 1          5          10          15

Thr Asp Ala Ala Gly Ala Ser Ser Ser Gln Ala Ala Gly Pro Thr Thr
          20          25          30

Thr Pro Thr Arg Arg Gly Gly Glu Gly Gly Asp Asn Thr Gln Gln Thr
          35          40          45

Asn Pro Thr Thr Ser Pro Ala Thr Gly Thr Arg Arg Gly Ala Lys Arg
 50          55          60

Ser Arg Gln Ala Met Pro Arg Gly Ser Gln Lys Lys Ser Tyr Arg Tyr
 65          70          75          80

Arg Pro Gly Thr Val Ala Leu Lys Glu Ile Arg His Phe Gln Lys Gln
          85          90          95

Thr Asn Leu Leu Ile Pro Ala Ala Ser Phe Ile Arg Glu Val Arg Ser
          100          105          110

Ile Thr His Met Leu Ala Pro Pro Gln Ile Asn Arg Trp Thr Ala Glu
          115          120          125

Ala Ile Val Ala Leu Gln Glu Ala Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Leu
          130          135          140

Phe Ser Asp Ser Met Leu Cys Ala Ile His Ala Arg Arg Val Thr Leu
          145          150          155          160

Met Arg Lys Asp Phe Glu Leu Ala Arg Arg Leu Gly Gly Lys Gly Arg
          165          170          175

Pro Trp

```

10

<210> 41

<211> 537

<212> ADN

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 41

```

          atggcgagaa ccaagcatcg cgttaccagg tcacaacctc ggaatcaaac tgatgccgcc      60
          ggtgcttcat ctctcaggc ggcaggtcca actacgaccc cgacaaggag aggcggtgaa      120
          ggtggagata atactcaaca aacaaatcct acaacttcac cagctactgg tacaaggaga      180
          ggggctaaga gatccagaca ggctatgcca cgaggetcac agaagaagtc ttatcgatac      240
          aggccaggaa ccgttgctct aaaagagatt cgccatttcc agaagcagac aaaccttctt      300
          attccggctg ccagtttcat aagagaagtg agaagtataa cccatatgtt ggccccctcc      360
          caaatcaatc gtggacagc tgaagcattt gttgctcttc aagaggcggc agaagattac      420
          ttggttggtt tgttctcaga ttcaatgctc tgtgctatcc atgcaagacg tgttactcta      480
5         atgagaaaag actttgaact tgcacgccgg cttggaggaa aaggcagacc atggtga      537

```

<210> 42

<211> 178

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 42

```

Met Ala Arg Thr Lys His Arg Val Thr Arg Ser Gln Pro Arg Asn Gln
 1          5          10          15

Thr Asp Ala Ala Gly Ala Ser Ser Ser Gln Ala Ala Gly Pro Thr Thr
          20          25          30

Thr Pro Thr Arg Arg Gly Gly Glu Gly Gly Asp Asn Thr Gln Gln Thr
          35          40          45

Asn Pro Thr Thr Ser Pro Ala Thr Gly Thr Arg Arg Gly Ala Lys Arg
 50          55          60

Ser Arg Gln Ala Met Pro Arg Gly Ser Gln Lys Lys Ser Tyr Arg Tyr
65          70          75          80

```

ES 2 926 055 T3

Arg Pro Gly Thr Val Ala Leu Lys Glu Ile Arg His Phe Gln Lys Gln
85 90 95

Thr Asn Leu Leu Ile Pro Ala Ala Ser Phe Ile Arg Glu Val Arg Ser
100 105 110

Ile Thr His Met Leu Ala Pro Pro Gln Ile Asn Arg Trp Thr Ala Glu
115 120 125

Ala Phe Val Ala Leu Gln Glu Ala Ala Glu Asp Tyr Leu Val Gly Leu
130 135 140

Phe Ser Asp Ser Met Leu Cys Ala Ile His Ala Arg Arg Val Thr Leu
145 150 155 160

Met Arg Lys Asp Phe Glu Leu Ala Arg Arg Leu Gly Gly Lys Gly Arg
165 170 175

Pro Trp

<210> 43

<211> 465

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 43

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggctcctcg ttcaaaggct	60
cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatcgctt ctagtagttc aaagcgcaaa	120
tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg cttaccgccg taagccgggc	180
actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct	240
gcgcctttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt	300
tggcaagctg aagctctgat ggcccttcaa gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg	360
tttgaagatg gtagctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaggat	420
ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat ggtaa	465

<210> 44

<211> 154

10 <212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 44

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
1 5 10 15

Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
35 40 45

ES 2 926 055 T3

Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
50 55 60

Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
65 70 75 80

Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
85 90 95

Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Leu Met Ala Leu Gln Glu Ala
100 105 110

Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115 120 125

Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130 135 140

Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145 150

<210> 45

<211> 465

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 45

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggtcctcg ttcaaaggct	60
cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatcgctt ctagtagttc aaagcgcaaa	120
tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg cttaccgccc taagccgggc	180
actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct	240
gcgcctttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt	300
tggcaagctg aagcttttat ggcccttcaa gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg	360
tttgaagatg gtatgctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaaggat	420
ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat ggtaa	465

<210> 46

<211> 154

10 <212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 46

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
1 5 10 15

Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
20 25 30

ES 2 926 055 T3

Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
35 40 45
Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
50 55 60
Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
65 70 75 80
Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
85 90 95
Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Phe Met Ala Leu Gln Glu Ala
100 105 110
Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115 120 125
Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130 135 140
Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145 150

<210> 47

<211> 465

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 47

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggctcctcg ttcaaaggct	60
cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatcgctt ctagtagttc aaagcgcaaa	120
tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg cttaccgccg taagccgggc	180
actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct	240
gcgcctttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt	300
tggcaagctg aagctattat ggcccttcaa gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg	360
tttgaagatg gtatgctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaggat	420
ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat ggtaa	465

<210> 48

<211> 154

10 <212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 48

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
1 5 10 15
Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
35 40 45

Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
50 55 60

Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
65 70 75 80

Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
85 90 95

Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Ile Met Ala Leu Gln Glu Ala
100 105 110

Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115 120 125

Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130 135 140

Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145 150

<210> 49

<211> 13

<212> PRT

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> secuencia consenso de aminoácidos del bucle1 del CENH3

<220>

<221> características_misc_feature

10 <222> (7)..(7)

<223> xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

<400> 49

Thr Asn Phe Leu Ala Pro xaa Glu Val Thr Arg Trp Thr
1 5 10

<210> 50

15 <211> 4001

<212> ADN

<213> Brassica napus

<220>

<221> intrón

20 <222> (1892)..(1972)

<220>

<221> intrón

<222> (2020)..(2104)

<220>

<221> intrón

<222> (2148)..(2208)

<220>

5 <221> intrón

<222> (2264)..(2358)

<220>

<221> intrón

<222> (2399)..(2507)

10 <220>

<221> intrón

<222> (2624)..(2755)

<220>

<221> intrón

15 <222> (2832)..(2933)

<220>

<221> intrón

<222> (3012)..(3091)

<400> 50

tgtccgggag gatccaccgg cggtggctgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct atttttagtt gttaattttt cttttcctct	120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttgggttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta catatttcac aatgagccat tagtaaaaca	240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagaac aattttaata aaaatatgtt ctaatttcct	300
actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtaaa agtcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc	420
ctgatatgtt gtgatggctc ttacatattt gggctttttg tggcttatta aacggttact	480
gaagaattag tttatcgcat ttaaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaattttaca tttaatacat gactagttcg attctccggc tgaaacccat	660
ttaccactga gccaaagacca cttgattata tataatcaagc tcttgttttt tgcattaaca	720
aaagttgcat ccaaaatttc aaaacaacaa ctaaattaat gtctttctat tttcaaagtt	780
ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggaaa ccggttaaaa	840
tatattttaa atacaaaaaa cttaacaat gaatcattta tttatttatt cttcaaaatt	900
taaatatccg aacccggccc aaaatatccg aaccgaaca taaatatcc gaacccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaaa gttaaaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta	1140
gtcatttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt	1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa	1260
atgagagggt aaaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat	1320

atatgttaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaatattat	1380
tttgtagact actaattaat ttgatagtta gttaataaaa aaatatatta tattattata	1440
tggaccaact tatttttcta aaaaaaacc actgttttaa aaaccaaacc aactataaac	1500
cggagatata ccggaattgag tggctaaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaaccc	1560
tctgagtgag atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagttgtag	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgtaaaccca agtttttgat aattatttca aaggggttta	1800
tttatctttt attcctccgg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc	1860
gcttccaggg cagcagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt	1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcctc tgaaatttgt agatgcgact	1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggc ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt	2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt	2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta	2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtagc atgaatcaat	2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat	2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctggt ttttttggtt	2340
tgttttgggt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc cttgtaggtt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccaccaaa cttcttatcc ctgccgctag ttcatccga gaagttagta atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat cccagggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctcccga tgttaccgtt tggactgctg aagctcttat	2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttggt tcctattttc cacttgatgt	2880
ctaattttaa ctgatcgttt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc	2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg	3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg	3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt	3120
cttgaggaggaa aaggcagacc attgtgatcg ttctgcagggt tgtataactt tgttactcc	3180
ttatgtcttg tcatttgtag tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc	3240
aatatctagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttccttgg	3300
aattgatagt ttccattgag atttcatttg cacgaaacat atctgctttc tcaatatctc	3360

```

tcagtccttag aaagggctat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag 3420
acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat 3480
tcccaatttc aacttttttc gaggcattat ataaagtttt taaatgtact tggcacttca 3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg 3600
tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa 3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atgggtataaa actatcacta 3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaaac taatttttct ttaatcaaat 3780
taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta 3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac 3900
gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac 3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a 4001

```

<210> 51

<211> 540

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Brassica napus - codificación de ADNc para CENH3

<400> 51

```

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact 60
gcttcattct cggcggcggc ggcggaaggc ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc 120
agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa 180
ggaggggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc 240
cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa gaccaccaa 300
cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtggaaa gtgtcaccca gatctttgcc 360
cctcccgatg ttaccggttg gactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga ggcggctgaa 420
gattttttaa ttggcttggt ctctgatgct atgctttgct ctatccatgc aaggcgtggt 480
actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaaaagg cagaccattg 540

```

10 <210> 52

<211> 180

<212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 52

Met Ala Arg Thr Lys His Phe Ala Ser Arg Ala Arg Asp Arg Asn Arg
1 5 10 15

Thr Asn Ala Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ala Glu Gly Pro Ser
20 25 30

Ala Thr Pro Thr Arg Arg Glu Gly Ser Gln Gly Glu Ala Gln Gln Thr

15

	35		40		45
Thr	Pro	Thr	Thr	Thr	Pro
50					55
				Ala	Gly
				Arg	Lys
				Lys	Gly
				Gly	Thr
				Lys	
Arg	Thr	Lys	Gln	Ala	Met
65				70	
				Pro	Lys
				Ser	Ser
				Asn	Lys
				Lys	Lys
				Thr	Phe
				80	
Arg	Tyr	Lys	Pro	Gly	Thr
				85	
				Val	Ala
				Leu	Arg
				90	
				Glu	Ile
				Arg	His
				95	
				Phe	Gln
Lys	Thr	Thr	Lys	Leu	Leu
				100	
				Ile	Pro
				Ala	Ala
				105	
				Ser	Phe
				Ile	Arg
				110	
				Glu	Val
Arg	Ser	Val	Thr	Gln	Ile
				115	
				Phe	Ala
				120	
				Pro	Pro
				Asp	Val
				125	
				Thr	Arg
				Trp	Thr
Ala	Glu	Ala	Leu	Met	Ala
				130	
				Ile	Gln
				135	
				Glu	Ala
				Ala	Glu
				140	
				Asp	Phe
				Leu	Ile
Gly	Leu	Phe	Ser	Asp	Ala
				145	
				Met	Leu
				150	
				Cys	Ala
				155	
				Ile	His
				Ala	Arg
				Arg	Val
				160	
Thr	Leu	Met	Arg	Lys	Asp
				165	
				Phe	Glu
				Leu	Ala
				170	
				Arg	Arg
				Leu	Gly
				175	
				Gly	Lys
Gly	Arg	Pro	Leu		
				180	

<210> 53

<211> 3088

<212> ADN

5 <213> Sorghum bicolor

<220>

<221> intrón

<222> (377)..(487)

<220>

10 <221> intrón

<222> (514)..(618)

<220>

<221> intrón

<222> (662)..(1094)

15 <220>

<221> intrón

<222> (1217)..(1312)

<220>

<221> intrón

20 <222> (1391)..(2087)

<220>

<221> intrón

<222> (2164)..(2556)

<400> 53

catctctcac	tgccatccgg	gtccactact	cccaacgttc	ggcacgccag	gtatagccgt	60
taccccggtg	ggccccactg	gtacacggac	aaaggtttagc	ggtcaccgcg	aatcgtgaat	120
acttgtgact	acggggtgct	aattataaaa	acgccgcaca	tcctttcgtt	tcgccatttc	180
accccccttc	ccttcccgtg	gagaggaaaa	aaaccaccg	tcgacccgcc	cggccgccc	240
agagttctga	atcgaaaccg	tcggccgcga	ccgcgagagc	agcgcggggc	gcccaccgtg	300
atggctcgaa	ccaagcacca	ggccgtgagg	aagctgccgc	agaagcccaa	gaagaagctc	360
cagttcgagc	gcgcaggtaa	gcccgcgtcc	ccgcgctgaa	ccccctccg	cctcgcgagc	420
agacgtgcc	gctgctctcc	gtcgcccctg	gtgctaagcg	cgttcctttt	ttttccttct	480
tttgagggtg	gggcgagtag	gtcggcgacc	ccggtgagtg	cgtgcgtgcg	tcggggaatt	540
ggtttttagc	ctccttttgc	ggtttcgcct	tttgttgggc	tggtctcact	tgcttgcaat	600
ctgtttgatg	gaatgcagga	gaggaggaaat	gctgggaccg	ggggaggagc	cgcggtcgc	660
ggtaggagtc	tctttgtcgt	tgctgggttt	gggaatttcc	ggcgcgaaat	tatgtggatt	720
tctaggttta	tctgccgtct	ttcttcttgt	cttctctttt	ggctctgggg	tgagaagtta	780
gggtgggttg	gcggacatgg	tgcgttattt	cgccgtatcg	tttggtttgg	tgctttctca	840
tccttttaat	tccaacatgc	cttgtaaaaa	ttgcacaaga	tttgtttttt	catgcatgtc	900
tcagtgttgc	taatttgctt	ttccggttcg	gttggtagaa	ttcaatttct	tggcgcaata	960
tgratcttct	tttgttgcaa	catgagggcg	aatgtgccag	ttccatatgg	gcgtcgcggt	1020
tttgaagtta	ctaccttgct	tgctcttcgt	attataggcg	tcattcacia	tagtatgttt	1080
tcttgagat	gcagttgcac	gggggcgtgt	ggagaagaag	catcgtctgg	gggcagggac	1140
tgtagcgctg	cgggagatca	ggaagtacca	gaagtccact	gagccgctca	tcccccttgc	1200
gccccctgta	cgtgtggttg	gtgcatcttg	taccaattgt	tgccactcc	atagaatggg	1260
tttgttctgc	agtctgtctg	atggaaagtt	attcttctga	gaaaaaatgc	aggtcaaaga	1320
gttaactgca	ttcataacag	actggaggat	agggcgctac	accctgaag	ccctccttgc	1380
gctgcaagag	gtcagttatg	aaacatgtct	tgtgtatcag	ttaagatcat	cttctataga	1440
cataattgtt	atcatgaagt	ctttttctgt	taatcggctc	ggtactactt	aataatcagg	1500
atttcagatt	gctgcctttc	ctagtgggtg	agtcaaaagg	gaatttaagt	gctgttaggt	1560
actgtttgtt	ttggtgtttt	gaaccctgcc	gcgatcgggt	gttggtattc	catgtttgtt	1620
tctgtggcag	cggacgttca	cgggtgagatg	ggatacgggc	gtgtgaaaca	tagttacggt	1680
ccatcttcat	ggcttatcca	tttacgtgc	tcgtccgctc	acttgttatg	tcgggaacc	1740
aaacttttgt	tactagtgtg	actggtagcg	ttgcaaatct	ttccatttgc	gttaccactc	1800
cctatgggag	ccaaacagca	ccttagtgta	gattccattt	gtattacttg	agctagcttc	1860
cttgctattg	gtgcctcgat	tgtactgtta	tgatcgaagt	gctgaaaact	ttgtcgcttg	1920
catagcatga	ttagagaact	tgagtttaca	tttattcaat	accttaagac	tgcatttcgt	1980

```

atagataaat tatttttcct aattgttctg gttaactggt ttaggtttcc atatttttgt 2040
atgtgtatca tttaaattat tgtgttggtt ttcttcctg tctacaggca gcagaattcc 2100
acttgataga actgtttgaa gtggcgaatc tgtgtgccat ccatgccaaag cgcgtaacag 2160
tcagtaagtt atcactgaat gaactccttt tcctctgtac tattacgcct aatggagatg 2220
tgtgatgcat ttttggttac acgattcctt agtgattctg cticagttgg atatgataaa 2280
tctagatggt atttaaagtg gcaaattgct tacgagtggg aatagtaatg ttcaaatagt 2340
gaaaagtgca attaaacttt taataggcca ttatatggtt tgattgtcaa caaatgcatc 2400
aagaaaatgt aaatattata acagttatgg cttagagagt ggacaaaaaa tcggtaatgg 2460
tgagctttgt ataaacacta aaactggctg agaaatctga taactcaagg atctatagga 2520
aatgtattat cctaaatggt ttcttcctg ctgcagtgc aaaggacata caacttgcaa 2580
ggcgtatcgg aggaaggcgt tggctgtgat atccattctg attctgatta ccttgctcgg 2640
gtggaatttg tttagaggag ttagacatta gtctgttgga atgctgtgca tggttcctaa 2700
tctgtttcac agttagtggg ctcttctggg atgatctggt aacacctgtg gagtatgtta 2760
tgtaggaaac acctgaactg aacaaccaa agttgttttg gttgctcttc aaccatttgt 2820
ttgcttcaga gatcgattct aaactgcatg ctaattagtc tatggttgaa caaaaattat 2880
caaatataaa tgaaagtgat atagtagcaa aatccaaaaa aaaaaggatc caaacaaggc 2940
ctaaaatcat ggttctttct ccttttgaac tgggtgcaag tatggacagg cacagaagaa 3000
aaccgcctag caaacggtt gttttttttt ctctgttgta ccacacgaca ctgttcgttc 3060
ctagtgcgc ctttttggtg tagaagtc 3088

```

<210> 54

<211> 471

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Sorghum bicolor - codificación de ADNc para CENH3

<400> 54

```

atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagctgccgc agaagcccaa gaagaagctc 60
cagttcgagc gcgcagggtg ggcgagtacg tcggcgaccc cggagaggag gaatgctggg 120
accgggggag gagccgcggc tcgctgtgca cgggggctg tggagaagaa gcatcgctgg 180
cgggcaggga ctgtagcgct gcgggagatc aggaagtacc agaagtccac tgagccgctc 240
atcccccttg cgcccttcgt acgtgtgggt aaagagttaa ctgcattcat aacagactgg 300
aggatagggc gctacacccc tgaagccctc cttgcgctgc aagaggcagc agaattccac 360
ttgatagaac tgtttgaagt ggcgaaatctg tgtgccatcc atgccaaagc cgtaacagtc 420
atgcaaaagg acatacaact tgcaaggcgt atcggaggaa ggcgttggtc g 471

```

10 <210> 55

<211> 157

<212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 55

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

<210> 56

<211> 5834

<212> ADN

5 <213> Zea mays

<220>

<221> intrón

<222> (1820)..(1917)

<220>

10 <221> intrón

<222> (1944)..(2035)

<220>

<221> intrón

<222> (2085)..(2239)

15 <220>

<221> intrón

<222> (2356)..(2446)

<220>

<221> intrón

20 <222> (2525)..(4530)

<220>

<221> intrón

<222> (4607)..(5346)

<400> 56

ttatgtagag gcaattgcag tagtgcctct gtttttagagt gtaactacag atttgtccct	60
atTTTTTTtag agtttgcgtg tttgtccctg ttttttcaaa tcaaactatt gtatacccct	120
actccattag ttatacttaa caatgttaag tcttgataaa aagacaaggg ataattggat	180
tagtgaccct gtttttagagt gtaattatag ctttgcccga tgttttagac ttcacatggt	240
tttatgacaa ttcaaattgt ttccataaca tcttaaatTA ttttgacaac atttagaatt	300
gttttgcaat aattttaaatt atttccaaaa taaaaatatt ttgacaatta ttttatcaac	360
aaattaaatt atttttttta caaaataatt tgtcaaggta cttttttaaa attttgaaaa	420
taatcaaatt attgtaaata taatttgaat tgttgcgaaa ataatttgga ttgtcataaa	480
aacacgtaag tctaaaaatt aggcgtaaaa ctacaattat actctaaaaa ggtggtaatg	540
gcgtagttgt tccttgtcta ttttatcaag acatagcacc gtgcagtaca actaatggag	600
tagtgacata caacaatttt gttttaaata ataggggtaa atacgcaaag tctaaaaaac	660
agaggtaaat ctacaattac atgttaaaat agaggcatcg atacaattgt accttttata	720
tagcagcatg cgccctgttg ggatacaatt gtacctttca catgtcttct agatggttcc	780
caaccctttg gccaaagatcg tacagataat attgcgagga gccc aaatca acggtgtcca	840
tatgttatgt tgatgtggat ggtttacctt ggcgcaaaag tgcgctggtt tcgtccgtac	900
aaatatactt taagtatggt tttgattttt ttctattttt cattttttta ataaaaagag	960
acaatcaaat ctgatataaa aatcaaatga attataaata gagacggaaa gagtatatat	1020
atTTgttttg ctattattta aagtattaaa agatagtgga cgaatgaacg tcctctatgt	1080
ttaaaagaac gtttttagagg acgttgtggt gttgaaggaa atatgaaaaa aaaatcttct	1140
gcatatttag aagggaggag cgtttacaca ttactttcgg gacttcaacc caaatatgtc	1200
aaggttttgt agtggtctag tgcggaaaaa aaatcctata tataccagat gtaaacacta	1260
tcttttacag cctatcacat tcacatttag aggttcacaa agatagatca aaatttataa	1320
aataatcatt taatatTTTT tttattttat ttatatggat aagcagctgg tgtatgtgag	1380
gagctgtaaa agatatTTTT tacatccgag atgtaaagat tttttttaac tcaatgctgg	1440
ttaccggctg ggaggacgat gataaagaaa gcactctctca ctgcattccg ggcccactac	1500
tcaaacgttc ggcacgccag gttggcagg agccgttaca tcgataggca ctcggccact	1560
cgcacgcaga caccacacca gtgtgctcag tgctcactgc tcaccataat aacgctgcac	1620
ctcttttcat ttcaccatct cctgccccct taaaaaaaag actcaccgtc gacacgcctt	1680
cccgtcccga gagttctgaa tcgaaaccgt cggccacgag agcagtgcga ggcgcccacc	1740
gcgatggctc gaaccaagca ccaggccgtg aggaagacgg cggagaagcc caagaagaag	1800
ctccagttcg agcgtctagg taacccgggt cccgcgtccc ccccgcttc gcaagcagac	1860

gctgtcgctt ctctccgacc ctggtgctaa gcacgttcct tgttccgtct tttgcagggtg	1920
gtgcgagtag ctccggcgacg ccggtgagcg cgtgcgtgcg gggatcagtt ccctcctttt	1980
gccctttttt gttgggctgc tcttacttgc ttgcaagctg tttgatggaa tgcaggaaag	2040
ggctgctggg accgggggaa gagcggcgtc tggaggtagc tcaggtagag accatattgt	2100
cgttgctgga tgctgggttt cgcttgcaat ctaattttgt tgcaagatga gggcgaatgt	2160
gccagttcca tgtgggtgtc atggtctcgg agttactacc ttaattgtc accatagtat	2220
gttttcttaa aaaaaacagt taagaagacg aaaccacgcc accgctggcg gccagggact	2280
gtagcgctgc gggagatcag gaagtaccag aagtccactg aaccgctcat cccctttgcg	2340
cctttcgtcc gtgtgggtggg tgcaggcggtg tttgtcctct gcatagtatg ggggtgttcc	2400
gcattctgtc taatggaaag ttattcttct gagaaaaaa atgcaggtaga gggagttaac	2460
caatttcgta acaaacggga aagtagagcg ctataccgca gaagccctcc ttgcgtgca	2520
agaggtagcgt tatgaaaaat gtcttatctc tctgttaaga tcctcttcat atacatagtt	2580
gctattgcta tcgtgaagtc ttttttttct gttaatgggt ctggtactac ttactagtca	2640
ggatttcata ttgcggtttt tcctagtgggt gtgtagttaa aaagtagttt aattgctttt	2700
agttaaaagg ggtgttcagg gctaaagatc aactatgaga aaacagaaat tttcccaatt	2760
cgataccccg cagcattatg gcctgcgcta atggagggtgt ttccgggcaa atactctagc	2820
ctacctggga agtaccttgg gttgcccctt catttcagga aagtaaaaag gaatgatctt	2880
caacctctaa tcgaaaaaat caacaacagg ctggccttgc tggaaaggca agatgttgtc	2940
caaggctggt atagaaactc ttgtaaaatc gatgctatcc gcacaaccaa tctaccatct	3000
aatggttttt ccacctcaaa aatggctgct gcaacaatt gacaaaatac gaagaaactt	3060
cctgtggaga gggagcaatc cagaagtttg cagcgggggt cactgcctcg tcaactggcc	3120
cgtaacttgc ctcccaaaga acaaggaggg tcttggaaatt ctggaccttg atcgttttgc	3180
gagggggcta agactaagat ggctgtggct acgatggaag agcaaagata gggcgtggac	3240
tgccctgaag cttccttgtg acaaaactga tgaagatctc ttcaatgctt ccacaactgt	3300
cacggtaggc aatggaaaga tagctgaatt ctggaattct agttggatcc aaggccaagc	3360
ccctaagaac attgcgcaa cactgttcaa gaaggaaaag aggaagaaca tcacggtcgc	3420
caaagcgctc actaacaaca attggattcg tttatgtcta ccatacacgg gtgaggggga	3480
gtttagagag gtcgtctctc tttggcaggc cataggtaac atgcaagagc ttaacggttt	3540
ggaagacaac atctcttggg gatggacggc agatgggcag tacagtgcta gcagtgcata	3600
caaaatccag ttgcattcca atttcactaa aatgaacctc tgccctattt ggaaggctaa	3660
agtggaaacc aaatgccgat tttttgcttg gacactactt cataagagaa ttctgactgc	3720
cgataacctt cataaaagag gttgcaactc agcctcagaa acaattcccc acttatgcaa	3780
ggattgcccc tttagtagag aggtgtggaa caaagttttg tctcgggcca actttccttt	3840
actgactggg tctcccagtg acacttcttt gtatgattgg tggacggaca tgtgcagcct	3900

ttgcagcaga caggcaagaa gaggtttcga cggctctgcta tttcactttt ggtggaactt	3960
atggctggaa agaaataaca gaatctttca aaggcagcgt agaagtgtag atcaagttgc	4020
tctggcagtc aaggattatg ctagtagctg aagtctagtt ggtttggact agtggttttg	4080
ttgcttttct ttttaatttc tttttagttc tttttatggt gttttcgttt ccttaagttg	4140
cttggagtct gtattatcct ctttcttcta atatagatcg gagcgacaaa ctttttgccc	4200
cttcctttca aaaaaaagtt aaaagggaaat ttaactgctt tcctagtggg gtagttaaaa	4260
tggatttcat attgcggcct ttcctagctt gcttgctatt gattggacta tagtgatcca	4320
aatgctgata actttgtcgc ttgtgtaggc atggtttagag agcttagagt ttgcatttat	4380
tcaatacctt gagactgcat ttcataatac taaattattc atgattattt cttttctcta	4440
tttgttcttg ttaattaaga gttttaggtt tccatatttt tgtacgtgca tcatttaa	4500
tcttgtattg tttttcgttc ttgtctacag gcagcagaat tccacttgat agaactgttt	4560
gaaatggcga atctgtgtgc catccatgcc aagcgtgtca caatcagtaa gttatcactg	4620
agtgaactcc tttttctctg tagcattact cctaataaat atgtgtgatg cattttgggt	4680
gcacgattct ttagtgattc tgcttcagat ggatatgata aatctagatg ttattttgaa	4740
gtggcgaatt gcttacgagc ggaaatagta atgttcaaat agcgcaaagt gcaactgttg	4800
acttttagta ggccatttat atggtttgat taccaacaaa tacgtcaatc atatgatttg	4860
attatcaaca aaggaatcag ctatatgggt tgattatcaa caaaggaatc agctaggttt	4920
gcttatcaac attcaacaaa ggcatcaagt aatactccat ccgtttcaat ttataattcg	4980
tttgactttt ttatctaaag ttgtatcggc tcgacttatt aaaaaaatc ataattattg	5040
ttaatttttg ttgtgatatt gtttagtata atatacttta aatgtgactt tgagtttttc	5100
attttttcgc aaaaaaaat gaataggacg agccggtcaa acgtgacaca aaaaagtcaa	5160
acgaattata atttgggaca cacggagtag taaataatgt aacaacttag agagtgggac	5220
aaaaaaatct ctagtgggtgc taaatttagt tcagctttgt ataaacacaa gcattgattg	5280
agaaatctga caactcaagg atctgtagga aatgtgttac cctaaatgtt ttccttactg	5340
atgcagtgca aaaggacata caacttgcaa ggcgtatcgg aggaaggcgt tgggcatgat	5400
atataaatatc cattctgatt gcatcattct tgtgaatttg tttgtaggag ctagacatta	5460
gtgttgttga atgctgcatg gttcctaata cttttcgcag tctaacatct gtggagttag	5520
tatgttacat ggcaacagct gaacatctgt ggactatatg gcaacagccg aagattgtgt	5580
ctgtgggata actggttgtt ttggttgctc ttcagtagtt tgtttgcttc aggtaaccat	5640
gctgcgaact atgatgtttt cattctcggg ttgcttcagc taaccgagat cgattcagtc	5700
tgcagtatgg actatggagt aaactgcatg ctgaaacccg aaccactgct gaaactgcat	5760
gctgaaaccc gaaccactgc tacggcagtt gccaggatag caggagggcc ttatgcaca	5820
gtggaattga gtag	5834

<210> 57

<211> 471

<212> ADN

5 <213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Zea mays - codificación ADNC para CENH3

<400> 57

ES 2 926 055 T3

```

atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagacggcgg agaagcccaa gaagaagctc      60
cagttcgagc gctcaggtgg tgcgagtacc tcggcgacgc cggaaagggc tgctgggacc      120
gggggaagag cggcgtctgg aggtgactca gttaagaaga cgaaaccacg ccaccgctgg      180
cggccaggga ctgtagcgct gcgggagatc aggaagtacc agaagtccac tgaaccgctc      240
atcccccttg cgcccttcgt ccgtgtggtg agggaggtta ccaatttcgt aacaaacggg      300
aaagtagagc gctataccgc agaagccctc cttgcgctgc aagaggcagc agaattccac      360
ttgatagaac tgtttgaaat ggcgaatctg tgtgccatcc atgccaagcg tgtcacaatc      420
atgcaaaagg acatacaact tgcaaggcgt atcggaggaa ggcgttgggc a              471

```

<210> 58

<211> 157

<212> PRT

5 <213> Zea Mays

<400> 58

```

Met Ala Arg Thr Lys His Gln Ala Val Arg Lys Thr Ala Glu Lys Pro
 1          5          10          15

Lys Lys Lys Leu Gln Phe Glu Arg Ser Gly Gly Ala Ser Thr Ser Ala
 20          25          30

Thr Pro Glu Arg Ala Ala Gly Thr Gly Gly Arg Ala Ala Ser Gly Gly
 35          40          45

Asp Ser Val Lys Lys Thr Lys Pro Arg His Arg Trp Arg Pro Gly Thr
 50          55          60

Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg Lys Tyr Gln Lys Ser Thr Glu Pro Leu
 65          70          75          80

Ile Pro Phe Ala Pro Phe Val Arg Val Val Arg Glu Leu Thr Asn Phe
 85          90          95

Val Thr Asn Gly Lys Val Glu Arg Tyr Thr Ala Glu Ala Leu Leu Ala
100          105          110

Leu Gln Glu Ala Ala Glu Phe His Leu Ile Glu Leu Phe Glu Met Ala
115          120          125

Asn Leu Cys Ala Ile His Ala Lys Arg Val Thr Ile Met Gln Lys Asp
130          135          140

Ile Gln Leu Ala Arg Arg Ile Gly Gly Arg Arg Trp Ala
145          150          155

```

<210> 59

10 <211> 8441

<212> ADN

<213> Beta vulgaris

<220>

<221> intrón

15 <222> (99)..(203)

<220>

<221> intrón

<222> (245)..(331)

<220>

5 <221> intrón

<222> (344)..(488)

<220>

<221> intrón

<222> (591)..(3263)

10 <220>

<221> intrón

<222> (3339)..(4377)

<220>

<221> intrón

15 <222> (4458)..(8130)

<400> 59

ctactctttc tctctctctc tctctccatt tctgtttgaa atcatgagag ttaaacacac	60
tgctgccagg aaatcaacca ccaacgggcc tcgttcaagt tagtttcctc tctcttcttc	120
ttttttgttc gcattctctc aatctatatt tcaaatgtga aaaaaattgt gatgctcata	180
aaccctaaaa tttctttgta cagaggctca gaaatctccg cgcagtttgc aatcaccaca	240
atcggttctc tctttgtact tttgatttgt ttttccttca tttgttcgat gaatggctct	300
taattgtctt ttatttactt gaaaattgca gccttctagt agttcaaagc gcaaatcact	360
cagaaacact gatgcaactc ctcaaagtaa ctttttcttt aatattaggt ttaattttac	420
tgctgtttgc caaattctgt tgaaattgta aaatattttt tttcttaaatt ttgacgggtt	480
cagagaagaa ggcttaccgc cgtaagccgg gcactgtggc actctgggaa atacgcaa	540
ttcagaagtc attcaagccc ttgattcctg ctgcgccttt cattcgaaca gtatgtattt	600
tttttgtttg tacttaataa atgaattttg gactgggtgt tgtgtggctg catagaaata	660
tatttccata caactgaaat tgtcctagga ggtatcgatg aatgtttgct acaaaataaa	720
taaatataag tgattatatt ttgttaaaaa gccattataa ttgcaactta tatgtatgtt	780
gtaatgaggt caactagcta ttttgtgcaa agtcacccac actttaacat aattttgtgc	840
tctcgttaacc ttaaaaaaat ataagtaaag ggttgatttg gtctaattag agctgatgaa	900
acccaattag attgaaacat aagggtgaaat cagggtgtga tcagcttcaa ttagatctaa	960

taagtgcagt ttagtttagc ttcggtgaaa tgaacacacc cttaaagata gaaaatcgac	1020
actatatatg gtccttttta gatatgatag ttcgatattc tgttttgggg tgtgttgaat	1080
gattaaatgg agtggggaat agctgatggg aactagagaa gatgctcagt agacagttat	1140
tgtggagact atattactga ttaccctgt tctgagtgg ttaggacaat gtgacaattg	1200
attttgggta ttattttag atgtttttct ttttgtaaa agtgccaaga taggtgtgca	1260
gttgctgatt ctgagtttgc taagaattag ctgtgtctgt atttcgtacc tcagttgatt	1320
ctaagtgaac atttctttga attgatgctt tgttcttgca tcatgcaact tggggaagct	1380
ttctttagtg tgctccagt gcaatctagt ctggtatggt tagaactctt gtgatgggat	1440
gagttcatca agatattggg gatccaatta gcctaacc aa tgttttttac cccctattgt	1500
cactgactta tactccctta tctataaaaa taattgtgac attgatccat ctctcaca	1560
tcattaatat tatatgtact gaccatcttt acactctcaa cactgaatct aagtagggga	1620
attttgggaa attcaatgat gaactagtac acccttcttc ccaataatat tgttgacctt	1680
tttattttga ttgtcccat attgtctctt ttggtaattt aatgtatat caccaattt	1740
tcttttcaat acccactata ccaacatata attggtaaat tcatttttat taattatatt	1800
tcctaagagc ttgttgtgta aacgtggatg aattttagg catggatgaa gtattgttat	1860
aatgaggtga caacattact taatttcgaa ctgagggaca gagggatatg atgataaac	1920
aacttttgct tgcttcttaa actcagaaga tagggtttac accaagtggc atgtaaaagt	1980
cactagatga ttatctatta caagggttg tacaatctga agtacgatag gatttgaagt	2040
taacaacatt catcgaaagc tcataacttg tccttatatc aatataagtt gctggcatgt	2100
gaaattgcgt tgcaagcatc catgagctag ctcaactatt aactattaaa ctttatattt	2160
ttgcttgatc tagtatgagt cctactattt agtttctcca tctaccttaa tatgtcgc	2220
acaccaacta atcattatcg ctagaatcaa taaacaaagc tttctttcct taggtgtatt	2280
agtacctagc tcctgtaata ccaagagcac ccaaattggg aagaaaaagt agaattggct	2340
catatctcta atcctacatt gatcattgaa aaggacctta aggttctcat actgaaacat	2400
catctttttg agcaggatat ctacgtagac gacaagaaag actactttgg ttgcccgtc	2460
atttgagtgc atcagacaac ttctttacca ctgtctaacg gcttgctttg gccatattgt	2520
ggcttcttat gccaaaatta atgatatttc ttggcaccgc gctaatagata ttactgaatg	2580
cggatatcgt acgattagaa ttattcaaa gtaggtagca attactagtt ttgagcattg	2640
agtttcaata attagtaa atagtgtctaa acttgtaacat ttgggtaca tgtatttgaa	2700
ttagaattgg tacgaggaaa tatagcaaca ttacgggcaa tgttcactca agtagaagcc	2760
attacatcaa atagtactag ttgaagtatt agttctcata atactaatca ttgtcattaa	2820
tggaatattg gaacgtaaat gcctttaagg tgctgtagtt ttagtagaaa ttctactatt	2880
ctagtatgat aatgcaattt attgaaactg tttgtaagat agcttggatc ccacatcagt	2940
cttgatgcta aataaatgga tgtccataat cttctaactt ttaatttgtg tctcttacca	3000

aacgagaaaa aataggagaa atccaatttg catga ^{cc} ctca ataagg ^{aa} aat gttgttaatg	3060
tgtgatgctt gtttctcatt tatagtctag agagagttat catgtccaag attgcagtct	3120
tggtactgag aaagtttgat tgttggttg ctgcttcttg agcctctttt ttttagagta	3180
agacacttcc tagatataat tttctttatt tttttgtaaa ttccatatat actactacat	3240
taacagggtt aagtttatat taggtgagag agattactca ccagtttgct ccttatgttg	3300
gtcgttgcca agctgaagct ctgatggccc ttcaagaggt gcagaccaac tcttttagcc	3360
tttttttttc tggcatgtca agtgtggcta ttagattttc tgtgtgattc tcactcccat	3420
atatctatat atgtacatat taaagcacat tgatacctat cttgtcagat gtggtctttt	3480
caattctttt ctaagttgag attcttctct tggtcgtaga tatgctcctg ccgaaatata	3540
ctgctgtctt gttatccatc atgacttggg tatgcttgta tctgggcatt atcttggcat	3600
gcttaaaaac aagtattgaa cgagcctcct attgataaat ttactatta atattggatg	3660
gcttctcaaa ttctaattggc agtgagatac tgttaagttg ggagaaatag attaagaaac	3720
agaaagatgt ttaccatgag agcaattgaa atagaaaata gagtaacttt ttgcaaagat	3780
tttggctctt tagattgttg aatactacct gataatgaag cattttctaa atttatgtgc	3840
tttctatcta tcagatactg gaatacaatc aaattcctat cacgtactga gcatttgat	3900
cagattcttg cttgcttcct atcacatact ggaatccttt tgattgttga atacaaagat	3960
aatgaagcat tctctaactt tatgtgctgt aactacttat aatgattctt gcttgctcc	4020
tatcacgtac tcaaactcct tgtttgattt gtctcttata agaggaactt cctgtctttc	4080
tttgtcatga cttagtattt atagaggtgc caacttatgg ccttgacaac tgaagctttt	4140
atgcaaactc cggattttgt tgatggaagt acaagtaaca ctttagcatg tggattcagg	4200
tctaacgggt aagacttttt aatgaatgtt ttaactgtag tagtttattg atataaaaaa	4260
agtggtctct caaacttttt atgagatcat atcgaagtaa tcaaatttat gattcaggtg	4320
cttctgctat tattcttggg taagcatgtg ctatttttga cagtctgtca attgtaggct	4380
gcagagaatt ttattgtccg ttgttttgaa gatggtatgc tttgtgcaat tcatgccaaa	4440
cgagttacac tcagtgagta tctgatttcc ttcggtggtg ctgctattat gcattatata	4500
cactttgcct caatatcgtt atataaggag tccttgtttt catatttggt tgatgcatat	4560
gttatatcct gtttagtggc tgctgcagtt gtgaacttac ggctgtttg attagtggc	4620
ataaatgatg gtaatactaa tataatttag tataaatttg taaaaaaaat gctaatatca	4680
atatttatgg taatgaaatt ttatcataaa acatgagttc tcttttataa gttttcatta	4740
ctatccaata ccaccttccc aagtggtaat gaacggtaat gaaatttttag gaagaaaatg	4800
gataatttggg gattagatag cattaccatg ggtaatgaca tgagattttc tttacaactt	4860
tatactacga tgcattatca ttaccaccat ttatgaccca taaccaaaaa aaccataatg	4920
tgtaggttc atttttcatt tttctaataa tttgcttcat gaattttttc tggagatatc	4980
ttatctagat atttcttgcc aacatgtttc acctgataat tgatcgattt aatagttcag	5040

aactttccaa aaactatgct gctcgggtgtt ggctgtcatc catcagttta agaaaactat	5100
tgacatgatt taagcctcgt cctgtactac taggaagggg aaactattgt tgcttccaaa	5160
aatgtctttt aagggcgtgt tcagcaacaa tagttgtagt agtagctttt agctgttagt	5220
tgtgctcgta gctgttagtg gttagtgtgt aactgttagc tgttcaagta gcggtataag	5280
atattgatgt tcggtaaaag aagctgtcaa aatagctgtt tacaaagaat taataaaaaa	5340
ctcaaacaaa gctttaatat ataatttatg caccactaaa gctaccccaa aagctacaaa	5400
ttgtagcttt ttacaaacac tactaaaaa ctacttgtaa cactaaaagc tacttatact	5460
actattttgc caaacattat tttttttct taattagtgt tttgacctag tcaagacact	5520
aaaagctact tgaaaagctt ttgccgaaca cgcccttagt agacaagagg ggggaggggg	5580
tcacaaagaa aatatgatta tactctcaac aaaaaaaaa tgtaacttaa aaaaaataaa	5640
aataaataat tgactacttc aattaagaaa agaatagaat aaaaacatta cagtggatgt	5700
ctcatccaca tccctaattt aatggcacia tagaataatt gttttaaatt ttagaaatta	5760
caacacaaga tgtaaattac tcttatcttc ctcttcgtaa tctttttact cttcctttac	5820
ctcttccttt acctctacat aaaatagaga attagagatt gattaagata attataagat	5880
tttagaaaca ttggttaaga aattcttcaa caaacataat caagtaactc cattatttta	5940
gtttagtgtg ttgctattta tcaccctaatt ttcacccatc accgccctcc ttggacaata	6000
ttgcccttc cactttcttc actcttcctt cctcacgcac cttatcatct cttccacta	6060
tcacctttta aaaagtgtgt caggcacaac aaaaacgctt ttatcaaccc acgcgaggcg	6120
aagtacgtca ggcgcaacaa ggcgcgcacc taattctgtc ttttgccaag gctgatggtg	6180
cacttagttt taaaaagcgc agcaaagatg tgcctaggcg caaggcggtg aaaaaattgc	6240
atccgtcagc agcggagtag aggcacaaa caatagggtc gaagaggcgt gcacgtacaa	6300
aagaagcaaa aataagaaac tcaaatatga gaccagtggt ttaacatgta aattcgatac	6360
ccagtgttta acatgtaaat tcgattaaaa gcccttaatt aattgcatga aattaattca	6420
ttttaaccta tactaaaagc cctaataatta gaaaatccta gtttgaggtg tgaggaattt	6480
ggaaaattga tgattgttg atttgaaaa attgttgccg gcgatgaatg tgaggtggtt	6540
tatggcacta gagagggttg cgttcgttg cgtatgaagct ttccaaggct attctctcct	6600
tgtcttcttc ctatgcctag ctctcttccc tctccttaat cttctcttct tttctattct	6660
ctctctttat cactacatta tgtttatttc tcgttcttcc cctatgtctt tcacttggac	6720
acttcggggg tatcttcatc ttttatctgc aatttgaagt ttgagaagct tccagagtcg	6780
agtgttaaac ttttgcttct ttttttttaa tcttttgccc ttttttctta gtggcccttg	6840
actagtgatg cacatgtgac caattactaa atgagctttt attttgtctc tcttcttttt	6900
caagcaattt tttttaagta aatcatctaa aacaaagtac tatccatttt agttgtgtaa	6960
atggtgctat tttaaaaccg cacaaaaatt aaaaacataa aaataaagggt gtgcttcgca	7020
tacaagatgt atgcgccttc gtcttgcccc ttttgagact aagactacca taagaactta	7080

gtcacttgag aatggaatgg gtgcaagatg gacgacgata attctaãaga cctctagaag 7140
gatagtgtat agtaactaat acgaaccgaa atataagttt aactaaaatt ttaaagtcta 7200
tattttccata tggatatatgc tggaatacac gaaatgtcca gaatttgtag tggaccacga 7260
tccacacgtc ttttcaggat tctaggtgta ttccaacgaa aaatataaga aaaccatatt 7320
ctactatctg gttgttgta tcttttcctt gccggcgtga cttctcatcc ttttattttt 7380
gtccgggtgct ggtgacacac tttcctatga tagtgtggtg caaagtaagg tgatgatatg 7440
gtgttttgta gaggtgtggt gatttttggt gtggtgggtg gaagaggggt ggttgcatat 7500
agaaaggggt aagagtcaat gaggggtgga aggggacaag ggggtatattg gtaaatgcat 7560
gtaacattag ggtggtgttg agtaattttt gggaggttaa tataaactac ccccttttgg 7620
tacaagagag aatacccgaa ctactgctct gatatttttg ttcacgttat ttgatgtaat 7680
tacgcaatta atttgttttc tataagcttc cgcacacaat tgtgcatata aggctagtct 7740
aatatgagac accaacataa ctgactttct tttgcaacga aggtaccttg tcagatttag 7800
aacatagcat caggatttta tttgttgat ctgtcatcct tgtttattgc ttttaattatg 7860
ctttgtatga tgcattttac cacttcgtat gaaaaaagt gaaatttcat ttagtggtca 7920
tttcatatatt acgagtttg gacatgttg aacatttgat tttggaaatt ttaagcctca 7980
tattatggag atttattgga cacaatatata gccataattc tccatcaact tgtttctaga 8040
agtgttgctc ttcctgatgt acttgaattc taattagggt ttatcagaca ttatattata 8100
atgatatgat ttacaatttg ttgtagtgaa aaaggatttg gagctcgcgc gaaggatttg 8160
gggcagagag aggggatggt aactaaacaa cacagatgac tcattttatt aaggccaac 8220
aattgaattc gctgttgatt tcactgtgat atactgctct aggccttctat tccaatgtaa 8280
tttataaatc caaggttagt agcatgttaa gctttgtatt cagtataatg agacttatat 8340
tttgagttg agattttagt tgtttgatgt gacttgtaaa ttgtaacttg taagtgcgt 8400
cttgaggatt atcgggacaa tatactattt ttttttcaa a 8441

<210> 60

<211> 462

<212> ADN

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> Sorghum bicolor - Codificación de ADNC para CENH3

<400> 60

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggtcctcg ttcaaaggct 60
cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatcgctt ctagtagttc aaagcgcaaa 120
tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg cttaccgccg taagccgggc 180
actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct 240
gcgcctttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt 300
tggaagctg aagctctgat ggcccttcaa gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg 360
tttgaagatg gtatgctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaaggat 420
ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat gg 462

10

<210> 61

<211> 154

<212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 61

```

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
 1      5      10      15
Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
 20      25      30
Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
 35      40      45
Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
 50      55      60
Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
 65      70      75      80
Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
 85      90      95
Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Leu Met Ala Leu Gln Glu Ala
100      105      110
Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115      120      125
Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130      135      140
Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145      150

```

5

<210> 62

<211> 4001

<212> ADN

<213> Brassica napus

10 <400> 62

```

tgtccgggag gatccaccgg cgggtggtcgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc      60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct attttttagtt gttaattttt cttttcctct      120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttgggttt attcagaaga attatcatct      180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta catatttcac aatgagccat tagtaaacaa      240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagaac aattttaata aaaatatgtt ctaatttcct      300

```

actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtāaa agctcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc	420
ctgatatgtt gtgatggctc tttacatatt gggctctttg tggctctatta aacggttact	480
gaagaattag tttatcgcat ttaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaattttaca ttttaatacat gactagtctg attctccggc tgaaacccat	660
ttaccactga gccaaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgttttt tgcattaaca	720
aaagttgcat ccaaaatttc aaaacaacaa cttaaattaat gtctttctat tttcaaagtt	780
ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggaaa ccggttaaaa	840
tatattttaa atacaaaaaa cttaaacaat gaatcattta tttatttatt cttcaaaatt	900
taaatatccg aaccggccc aaaatatccg aaccgaaca taaatatcc gaacccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaaa gttaaaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta	1140
gtcatttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt	1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa	1260
atgagagggt aaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat	1320
atatgttaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaaattat	1380
tttgtagact actaattaat ttgatagtta gtttaataaa aaatatatta tattattata	1440
tggaccaact tatttttcta aaaaaaacc actgttttaa aaaccaaacc aactataaac	1500
cggagatata cggattgag tggctaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaacc	1560
tctgagttag atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagttgtag	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgtaaccca agtttttgat aattatttca aaggggttta	1800
tttatctttt attcctccg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc	1860
gcttccaggg cacgagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt	1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcatc tgaaatttgt agatgcgact	1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggt ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt	2040
cccgtttttag gtttttacgc aaatctcggt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt	2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta	2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttggtgac atgaatcaat	2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat	2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctgtt ttttttgttt	2340

ES 2 926 055 T3

tgttttggtt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc ctgttaggtt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccaccaa cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagttagta atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat cccagggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cctctcccga tgttaccctg tggactgctg aagctcttat	2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttgtt tcctattttc cacttgatgt	2880
ctaattttaa ctgatcgtt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc	2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg	3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg	3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt	3120
cttggaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcagg tgtataactt tgttactcc	3180
ttatgtcttg tcatttgtga tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc	3240
aatatctagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttcttgg	3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cacgaaacat atctgctttc tcaatatctc	3360
tcagtcttag aaagggtat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag	3420
acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat	3480
tcccaatttc aacttttttc gaggcataat ataaagtttt taaatgtact tggcacttca	3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg	3600
tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa	3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atgggtataaa actatcacta	3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaac taatttttct ttaatcaaat	3780
taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta	3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac	3900
gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac	3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a	4001

<210> 63

<211> 540

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 63

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact	60
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggc ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc	120
agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaa	180

ES 2 926 055 T3

ggagggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc 240
 cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa gaccaccaaa 300
 cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtgagaa gtgtcacca gatctttgcc 360
 tctcccgatg ttaccggtg gactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga ggcggctgaa 420
 gatttttttaa ttggcttggt ctctgatgct atgctttgcg ctatccatgc aaggcgtggt 480
 actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaagagg cagaccattg 540

<210> 64

<211> 180

<212> PRT

5 <213> Brassica napus

<400> 64

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

<210> 65

<211> 4001

10 <212> ADN

<213> Brassica napus

<400> 65

tgtccgggag gatccaccgg cgggtggtcgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct attttttagtt gttaattttt cttttcctct	120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttggtttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta cataatttcac aatgagccat tagtaaaca	240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagaac aatttttaata aaaatatggt ctaatttcct	300
actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtaaa agctcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc	420
ctgatatggt gtgatggctc ttacatattt gggctttttg tggcttatta aacggttact	480
gaagaattag tttatcgcat ttaaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaattttaca tttaatatcat gactagtctg attctccggc tgaaacccat	660
ttaccactga gccaaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgttttt tgcattaaca	720
aaagttagcat ccaaaatttc aaaacaacaa ctaaattaat gtctttctat tttcaaagt	780
ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggaaa ccggttaaaa	840
tatattttaa atacaaaaaa cttaaacaat gaatcattta tttatttatt cttcaaaatt	900
taaatatccg aacccggccc aaaatatccg aacccgaaca taaatatcc gaacccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaaa gttaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta	1140
gtcatttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt	1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa	1260
atgagagggt aaaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat	1320
atatgttaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaatattat	1380
tttgtagact actaattaat ttgatagtta gttaataaaa aaatatatta tattattata	1440
tggaccaact tatttttcta aaaaaaacc actgttttaa aaaccaaacc aactataaac	1500
cggagatata ccgattgag tggctaaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaacc	1560
tctgagttag atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagttgtag	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgtaaccca agtttttgat aattatttca aagggtttta	1800
tttatctttt attcctccgg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc	1860

gcttccaggg caccgagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt	1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcatc tgaaatttgt agatgcgact	1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggc ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt	2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt	2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta	2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtagac atgaatcaat	2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat	2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctgtt ttttttggtt	2340
tgttttgggt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgctccc cttgtaggtt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccaccaa cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagttagta atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttggtttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatgggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat ccaggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctcccga tgttaccctg tgaactgctg aagctcttat	2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttggt tcctattttc cacttgatgt	2880
ctaatttaaa ctgatcgttt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc	2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg	3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg	3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt	3120
cttggaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcaggt tgtataactt tgttacttcc	3180
ttatgtcttg tcatttggtg tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc	3240
aatatctagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttccttgg	3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cacgaaacat atctgcttcc tcaatatctc	3360
tcagtcttag aaagggctat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag	3420
acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat	3480
tcccaatttc aacttttttc gaggcattat ataaagtgtt taaatgtact tggcacttca	3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg	3600
tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa	3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atggtataaa actatcacta	3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaac taatttttct ttaatcaaat	3780
taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta	3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac	3900
gacaCagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac	3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a	4001

<210> 66

<211> 540

5 <212> ADN

<213> Brassica napus

<400> 66

```

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact      60
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggt ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc      120
agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa      180
ggagggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc      240
cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa gaccaccaa      300
cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtgcgaa gtgtcaccca gatctttgcc      360
cctcccgatg ttaccgcttg aactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga ggcggctgaa      420
gattttttaa ttggcttggt ctctgatgct atgctttgcg ctatccatgc aaggcgtggt      480
actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaaggagg cagaccattg      540

```

<210> 67

<211> 126

5 <212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 67

```

Met Ala Arg Thr Lys His Phe Ala Ser Arg Ala Arg Asp Arg Asn Arg
 1          5          10          15

Thr Asn Ala Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ala Glu Gly Pro Ser
 20          25          30

Ala Thr Pro Thr Arg Arg Glu Gly Ser Gln Gly Glu Ala Gln Gln Thr
 35          40          45

Thr Pro Thr Thr Thr Pro Pro Ala Gly Arg Lys Lys Gly Gly Thr Lys
 50          55          60

Arg Thr Lys Gln Ala Met Pro Lys Ser Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe
 65          70          75          80

Arg Tyr Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg His Phe Gln
 85          90          95

Lys Thr Thr Lys Leu Leu Ile Pro Ala Ala Ser Phe Ile Arg Glu Val
100          105          110

Arg Ser Val Thr Gln Ile Phe Ala Pro Pro Asp Val Thr Arg
115          120          125

```

<210> 68

10 <211> 4001

<212> ADN

<213> Brassica napus

<400> 68

tgtccgggag gatccaccgg cgggtggcgt tactccatth taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatgggtggc ggcagaatct atthtttagtt gttaatthttt cthttcctct	120
gattctthttt atthtttttcg aatgaactaa cthttgggttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataatthta catatthtcac aatgagccat tagtaaacaa	240
gtcgaaagtg aaaccaaatg ggaagagaa aatthtaata aaaatatgtt ctaatthtcct	300
actthtttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagttaa agtcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctthtga ggaaaaagct thttgtttgc actcataggc	420
ctgatatgtt gtgatggctc thtacatatt gggctcttht tggctctatta aacggttact	480
gaagaattag thtatcgcat thaaaaaaa atatthtgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaatthttaca thtaatacat gactagtctg attctccggc tgaaacccat	660
thaccactga gccaaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgthttt tgcattaaca	720
aaagtthgat ccaaatthtc aaaacaacaa ctaaattaat gtctthctat thtcaaagt	780
thtctccaa acctattaat agthtaatth ththththta aattaggaaa ccggttaaaa	840
tataththta atacaaaaa cttaacaat gaatcatthta thtatthatt cthcaaat	900
taaatatccg aaccggccc aaaatatccg aaccgaaca taaatatcc gaaccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggttht ataccttht actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaa gttaaactat tgatcacaaa atthtcaatg tgagacttht accatthtta	1140
gtcatthtata gtcgtthtta aaaattcaaa atataactta taagaaaaa tctaathtt	1200
thtatthtat gcttaatgtg attgtthta thctthtaat aatataaat taaacaaaa	1260
atgagaggth aaaaaaattg thtcaaata tgtattatth ataatcatta attgtcatat	1320
atatgttaat tatattaggt aatthcgtag ththththta agaaaagaaa aaaatattat	1380
thtgtagact actaattaat ttgatagtta gthtaataaa aaatatatta tattattata	1440
tggaccaact tathththta aaaaaaac actgtthta aaaccaaac aactataaac	1500
cggagatata ccggattgag tggctaaaac actctthtga tatatgtgct gagcaaacc	1560
tctgagtga atggcgtgtt aagaagtgg aggaccatth atgcctctta tgagttgtg	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggatth gaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaacaaata atctctccct ccgctthttt thctccaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgttaacca agththtgat aattaththta aagggtthta	1800

ES 2 926 055 T3

```

tttatctttt attcctccgg cggcagtaag tagtaaatcaa tggcgaāaac caaacatttc 1860
gcttccaggg cactgagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt 1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcacc tgaaatttgt agatgcgact 1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaagggt ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt 2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt 2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta 2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtagac atgaatcaat 2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat 2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcactctgtt tttttgttt 2340
tgttttgggt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt 2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg 2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc cttgtagggt ccaacaagaa 2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa 2580
gaccaccaa cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagttagta atgaactttg 2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt 2700
ggagcaacca ttatgggggt atttctctaa ctacaaatta ctaatactat ccagggtgag 2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctcccga tgttaccgt tggactgctg aagcttttat 2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttgtt tcctattttc cacttgatgt 2880
ctaattttaa ctgatcgttt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc 2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg 3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg 3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt 3120
cttgaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcagggt tgtataactt tgttcactcc 3180
ttatgtcttg tcatttgtag tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc 3240
aatacttagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttcttgg 3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cagaaacat atctgctttc tcaatatctc 3360
tcagtcttag aaagggtat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag 3420
acatgtgttt agagagggt taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat 3480
tcccaatttc aacttttttc gaggcattat ataaagtgtt taaatgtact tggcacttca 3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg 3600
tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa 3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atggtataaa actatcacta 3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaaac taatttttct ttaatcaaat 3780
taaacataaa ctaaaacat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta 3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca attttaaāaa aagaacacac 3900
gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac 3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a 4001

```

<210> 69

<211> 540

5 <212> ADN

<213> Brassica napus

<400> 69

```

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact      60
gcttcatctt cggcgggcggc ggcggaaggc ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc      120
agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa      180
ggaggggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc      240
cgttacaagc ctggaaccgt tgcctcaga gagattcgcc atttccagaa gaccaccaa      300
cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtgaaga gtgtcaccca gatctttgcc      360
cctcccgatg ttaccggttg gactgctgaa gcttttatgg ctattcaaga ggcggtgaa      420
gattttttaa ttggcttggt ctctgatgct atgctttgcg ctatccatgc aaggcggtgtt      480
actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaaaagg cagaccattg      540

```

<210> 70

5 <211> 180

<212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 70

```

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

```

<210> 71

<211> 4001

<212> ADN

<213> Brassica napus

5 <400> 71

tgtccgggag gatccaccgg cggtggtcgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct attttttagtt gttaattttt cttttcctct	120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttgggttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta catatttcac aatgagccat tagtaaacaa	240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagAAC aattttaata aaaatatgtt ctaatttcct	300
actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtaaa agctcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc	420
ctgatatgtt gtgatggctc ttacatattt gggctctttg tggctctatta aacggttact	480
gaagaattag ttatcgcac ttaaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaattttaca ttttaatacat gactagttcg attctccggc tgaaacccat	660
ttaccactga gccaaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgttttt tgcattaaca	720
aaagtgtcat ccaaaatttc aaaacaacaa ctaaattaat gtctttctat tttcaaagtt	780
ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggaaa ccggttaaaa	840
tatattttaa atacaaaaaa cttaaacaat gaatcattta tttatttatt cttcaaaatt	900
taaatatccg aaccgggcc aaaatatccg aaccgaaca taaatatcc gaaccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaaa gttaaaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta	1140
gtcattttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt	1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa	1260
atgagagggt aaaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat	1320

atatgttaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaatattat	1380
tttgactact actaattaat ttgatagtta gttaataaaa aaatatatta tattattata	1440
tggaaccaact ttttttcta aaaaaaacc actgttttaa aaaccaaacc aactataaac	1500
cggagatata ccggttgag tggctaaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaacc	1560
tctgagttag atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagtgttag	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgtaaccca agtttttgat aattatttca aaggggttta	1800
tttatctttt attcctccgg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc	1860
gcttcaggg cagagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt	1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcatc tgaaatttgt agatgcgact	1980
gcttcattct cggcggcggc ggcggaaggc ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt	2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt	2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta	2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtagc atgaatcaat	2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat	2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctggt ttttttggtt	2340
tgttttggtt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaaact aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc cttgtagggt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccaccaa cttcttatcc ctgccgtag ttcatccga gaagtttaga atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat ccagggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctcccga tgttaccgtg tggactgctg aagctcttat	2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttggt tcctattttc cacttgatgt	2880
ctaattttaa ctgacgtttt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcagacggc	2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg	3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg	3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt	3120
cttggaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcagggt tgtataactt tgttcactcc	3180
ttatgtcttg tcatttggtg tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc	3240
aatatctagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttccttgg	3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cacgaaacat atctgctttc tcaatatctc	3360

tcagtcttag aaagggctat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag 3420
 acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat 3480
 tcccaatttc aacttttttc gaggcataatt ataaagtttt taaatgtact tggcacttca 3540
 acttttataa tttatataac gattttatcc taatagagca tttgtgattt catagtgttg 3600
 tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa 3660
 aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atgggtataaa actatcacta 3720
 agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaaac taatttttct ttaatcaaatt 3780
 taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta 3840
 atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac 3900
 gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac 3960
 tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a 4001

<210> 72

<211> 540

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 72

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact 60
 gcttcatctt cggcgggcggc ggcggaaggc ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc 120
 agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa 180
 ggaggggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc 240
 cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa gaccaccaa 300
 cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtggaaa gtgtcaccca gatctttgcc 360
 cctcccgatg ttaccggttg gactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga gacggctgaa 420
 gattttttta ttggcttggt ctctgatgct atgctttgcg ctatccatgc aaggcgtggt 480
 actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaaaagg cagaccattg 540

<210> 73

<211> 180

10 <212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 73

Met Ala Arg Thr Lys His Phe Ala Ser Arg Ala Arg Asp Arg Asn Arg
 1 5 10 15
 Thr Asn Ala Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ala Glu Gly Pro Ser
 20 25 30
 Ala Thr Pro Thr Arg Arg Glu Gly Ser Gln Gly Glu Ala Gln Gln Thr
 35 40 45

ES 2 926 055 T3

Thr Pro Thr Thr Thr Pro Pro Ala Gly Arg Lys Lys Gly Gly Thr Lys
50 55 60

Arg Thr Lys Gln Ala Met Pro Lys Ser Ser Asn Lys Lys Lys Thr Phe
65 70 75 80

Arg Tyr Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg His Phe Gln
85 90 95

Lys Thr Thr Lys Leu Leu Ile Pro Ala Ala Ser Phe Ile Arg Glu Val
100 105 110

Arg Ser Val Thr Gln Ile Phe Ala Pro Pro Asp Val Thr Arg Trp Thr
115 120 125

Ala Glu Ala Leu Met Ala Ile Gln Glu Thr Ala Glu Asp Phe Leu Ile
130 135 140

Gly Leu Phe Ser Asp Ala Met Leu Cys Ala Ile His Ala Arg Arg Val
145 150 155 160

Thr Leu Met Arg Lys Asp Phe Glu Leu Ala Arg Arg Leu Gly Gly Lys
165 170 175

Gly Arg Pro Leu
180

<210> 74

<211> 4001

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 74

tgccgggag gatccaccgg cgggtggtcgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct attttttagtt gttaattttt cttttcctct	120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttgggttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta catatttcac aatgagccat tagtaaacaa	240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagaac aattttaata aaaatatgtt ctaatttcct	300
actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtaaa agctcaatga	360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc	420
ctgatatgtt gtgatggctc ttacatattt gggctttttg tggctatta aacggttact	480
gaagaattag tttatcgcat ttaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca	540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa	600
atggaagtca aaattttaca tttaatacat gactagttcg attctccggc tgaaacccat	660
ttaccactga gccaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgttttt tgcattaaca	720
aaagttgcat ccaaaatttc aaaacaacaa ctaaattaat gtctttctat tttcaaagtt	780

ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggāaaa ccggttaaaa	840
tatattttaa atacaaaaaa cttaaacaat gaatcattta tttattttatt cttcaaaatt	900
taaatatccg aacccggccc aaaatatccg aacccgaaca taaaatatcc gaacccgact	960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa	1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgtat cttgattgaa	1080
caaaaaaaaa gttaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta	1140
gtcattttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt	1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa	1260
atgagagggt aaaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat	1320
atatgttaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaatattat	1380
tttgtacact actaattaat ttgatagtta gttaataaaa aaatatatta tattattata	1440
tggaccaact tatttttcta aaaaaaacc actgttttaa aaaccaaacc aactataaac	1500
cggagatata cgggattgag tggctaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaacc	1560
tctgagtgtg atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagtgtgag	1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaatcaaa	1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat	1740
aatcaatctc tcatttcatt tgttaacca agtttttgat aattatttca aaggggttta	1800
tttatctttt attcctccg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc	1860
gcttccaggg cacgagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt	1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcatc tgaaatttgt agatgcgact	1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaagg cagagtgcgg tacgtcatct attttctttt	2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt	2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta	2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtgac atgaatcaat	2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat	2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctgtt tttttgttt	2340
tgttttggtt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctatttttg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc cttgtagggt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccacaaa cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagttagta atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat ccaggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctccga tgttaccgtg tggactgctg aagctcttat	2820

ES 2 926 055 T3

```

ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttggg tcctattttc cacttgatgt 2880
ctaatttaaa ctgatcggtt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc 2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tactatgctt tgcgctatcc atgcaaggcg 3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg 3060
cctcatccat gtctgcttct ctccatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt 3120
cttggaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcagggt tgtataactt tgttcactcc 3180
ttatgtcttg tcatttgtga tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc 3240
aatacttagg ctgtaaaact tatccctcct tgtttactat cttatatgct ttttccttgg 3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cacgaaacat atctgctttc tcaatatctc 3360
tcagtcttag aaagggctat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag 3420
acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat 3480
tccaatttc aacttttttc gaggcataatt ataaagtttt taaatgtact tggcacttca 3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg 3600
tcatgaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa 3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atgggtataaa actatcacta 3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaaac taatttttct ttaatcaaat 3780
taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta 3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac 3900
gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac 3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a 4001

```

<210> 75

<211> 540

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 75

```

atggcgagaa ccaaacattt cgcttcagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact 60
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaagggt ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc 120
agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa 180
ggagggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc 240
cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttcagaa gaccacaaa 300
cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtggaaa gtgtcaccca gatctttgcc 360
cctcccgatg ttaccgcttg gactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga ggcggctgaa 420
gattttttaa ttggcttgtt ctctgatact atgctttgcg ctatccatgc aaggcgtgtt 480
actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gaggaaaagg cagaccattg 540

```

<210> 76

<211> 180

10 <212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 76

ES 2 926 055 T3

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

<210> 77

<211> 4001

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 77

tgccgggag gatccaccgg cggtggtcgt tactccattt taacttgatg tcttgaaagc	60
agaggacatg gtatggtggc ggcagaatct atttttagtt gttaattttt cttttcctct	120
gattcttttt atttttttcg aatgaactaa ctttggtttt attcagaaga attatcatct	180
aaaaactgat tcaataaaca aaataattta catatttcac aatgagccat tagtaaaca	240
gtcgaaagtg aaaccaaag ggaagagaac aattttaata aaaatatgtt ctaatttcct	300

```

actttttatg aattgaactc ccgaagagaa tggccgaaga acggagtaaa agctcaatga      360
ttgtaaaagc tatgtattct cttgctttga ggaaaaagct ttttgtttgc actcataggc      420
ctgatatggt gtgatggctc ttacatattt gggctttttg tgggtctatta aacggttact      480
gaagaattag tttatcgcat ttaaaaaaaa atatttgaaa accacatatc taaaatctca      540
atatattatt tattgataga tgaaaagaaa aatagtttat aaaataatat taattggtaa      600
atggaagtca aaattttaca tttaatacat gactagtctg attctccggc tgaaacccat      660
ttaccactga gccaaagacca cttgattata tatatcaagc tcttgttttt tgcattaaca      720
aaagttgcat ccaaaatttc aaaacaacaa ctaaattaat gtctttctat tttcaaagtt      780
ttatctccaa acctattaat agtttaattt ttttttttaa aattaggaaa ccggttaaaa      840
tatattttaa atacaaaaaa cttaaacaat gaatcattta tttatttatt cttcaaaatt      900
taaatatccg aaccgggccc aaaatatccg aaccgaaca taaaatatcc gaaccgact      960
cgaagtgtag aaaatatccg aacgggtttt atacctttat actgaaatac cctatacgaa     1020
cccgaatgtg tatccgaacg cccctacaa tatatgatca tcatttgat cttgattgaa     1080
caaaaaaaaaa gttaaactat tgatcacaaa attttcaatg tgagactttt accattttta     1140
gtcatttata gtcgttttta aaaattcaaa atataactta taagaaaaaa tctaattttt     1200
tttattatat gcttaatgtg attgtttaat ttcttttaat aatataaaat taaacaaaaa     1260
atgagaggtt aaaaaaattg ttatcaaata tgtattattc ataatcatta attgtcatat     1320
atatgtaaat tatattaggt aatttcgtag tttttattta agaaaagaaa aaaatattat     1380
tttgtagact actaattaat ttgatagtta gtttaataaa aaatatatta tattattata     1440
tggaccaact tttttttcta aaaaaaaacc actgttttta aaaccaaacc aactataaac     1500
cggagatata ccggattgag tggctaaaac actctttgta tatatgtgct gagcaaacc     1560
tctgagttag atggcgtgtt aagaagtagg aggaccattc atgcctctta tgagttgtag     1620
tctgtgtgta caaaaaagaa gcgttggtgt gaaagaaagc agaaggattt gaaaaatcaa     1680
aaaattgaag gagaagcggg aaaacaata atctctccct ccgctttttt ttctccaaat     1740
aatcaatctc tcatttcatt tgtaaaccca agtttttgat aattatttca aaggggttta     1800
tttatctttt attcctccgg cggcagtaag tagtaatcaa tggcgagaac caaacatttc     1860
gcttccaggg cagagatcg caatcgaact agttagtact ctctctctct ctgccttttt     1920
tttgatattt attttctagg ttaaacccta atttggcatc tgaaatttgt agatgcgact     1980
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggt ccgagtgcgg tacgtcatct attttctttt     2040
cccgttttag gtttttacgc aaatctcgtt actgtttttt tgacgaatcg attgaaatgt     2100
gtagaccccg acgagaagag aaggcagcca aggagaagct caacagagtg agtctttcta     2160
tttcattttc tgagatccat gaatcctttt catctctcgt gtgttgtagac atgaatcaat     2220
tgcagcagca actcctacta cgactccacc agccggtaga aaagtaagtt acatttccat     2280
ttcacaccat tcatttgctt ctttatcaac aaactgctct ctcatctgtt tttttgttt     2340

```

tgtttttggtt ttgtgaagaa aggagggact aagcgaacta aacaagctat gcctaaaagt	2400
tagtgacaga ttttaaaatc tctattttgg atcatcattc tctcaggaca tgtctatttg	2460
catttgttct tattatgtct gtctgtctgt ctttgtcccc cttgtaggtt ccaacaagaa	2520
gaagacattc cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttccagaa	2580
gaccacaaaa cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagttagta atgaactttg	2640
ttattcatac attcccgtt acttgttttc aatgactctg caattactga tatagaattt	2700
ggagcaacca ttatggggtg atttctctaa ctacaaatta ctaatactat cccagggtgag	2760
aagtgtcacc cagatctttg cccctccga tgttaccgt tggactgctg aagctcttat	2820
ggctattcaa gaggtacgtg tactccttcc ctcttttggt tcctattttc cacttgatgt	2880
ctaatttaaa ctgatcgttt tttttttata tttcttttgg tgtggggcgg ggcaggcggc	2940
tgaagatttt ttaattggct tgttctctga tgctatgttt tgcgctatcc atgcaaggcg	3000
tgttactcta agtaagtagt actcccaaa ataaggaaac ccattttata tacaacattg	3060
cctcatccat gtctgcttct cttcatatca gtgagaaaag attttgagct tgcacgccgt	3120
cttggaggaa aaggcagacc attgtgatcg tttcgcaggt tgtataactt tgttcactcc	3180
ttatgtcttg tcatttgtga tctgactgac actttctttt gaaacataac tgcttgattc	3240
aatatctagg ctgtaaaact tatccctctt tgtttactat cttatatgct ttttccttgg	3300
aattgatagt ttccattgag atttcacttg cacgaaacat atctgctttc tcaatatctc	3360
tcagtcttag aaagggctat tgactaaaag aaaagaaaat ttagaggaag atttgtaaag	3420
acatgtgttt agagagggct taattaaaaa cacacgcttc tgctagcctt gctatttgat	3480
tcccaatttc aacttttttc gaggcataatt ataaagtttt taaatgtact tggcacttca	3540
acttttataa tttatataac gattttattc taatagagca tttgtgattt catagtgttg	3600
tcatagaaact caagtaattc acaccgtccg atgttgctat tgtctaataa aatgttgaaa	3660
aaattgtcaa aacagaacaa aaaacaacat agttgtctct atggtataaa actatcacta	3720
agttgtctct atagtataat atttttcgca atcccaaaac taatttttct ttaatcaaat	3780
taaacataaa ctaaaaccat ttttaaaaag tttaatggaa aaagataaaa aaataaggta	3840
atctcgtaat gttttaaaaa ggaaaaaaa tgtaaaaaca atttaaaaaa aagaacacac	3900
gacacagatc aaaaatatca tgtaatctaa ttgcatttgg tttctaaaat cttccaaaac	3960
tattctttta aaattctcta aggtaaaact tgattccaat a	4001

<210> 78

<211> 540

<212> ADN

5 <213> Brassica napus

<400> 78

atggcgagaa ccaaacattt cgcttccagg gcacgagatc gcaatcgaac taatgcgact	60
gcttcatctt cggcggcggc ggcggaaggt ccgagtgcga ccccgacgag aagagaaggc	120

ES 2 926 055 T3

agccaaggag aagctcaaca gacaactcct actacgactc caccagccgg tagaaaaaaa 180
 ggagggacta agcgaactaa acaagctatg cctaaaagtt ccaacaagaa gaagacattc 240
 cgttacaagc ctggaaccgt tgccctcaga gagattcgcc atttcagaa gaccacaaa 300
 cttcttatcc ctgccgctag tttcatccga gaagtgaaga gtgtcaccca gatctttgcc 360
 cctcccgatg ttaccggtg gactgctgaa gctcttatgg ctattcaaga ggcggctgaa 420
 gatTTTTTaa ttggcttggt ctctgatgct atgttttgcg ctatccatgc aaggcgtggt 480
 actctaataa gaaaagattt tgagcttgca cgccgtcttg gagaaaaagg cagaccattg 540

<210> 79

<211> 180

<212> PRT

5 <213> Brassica napus

<400> 79

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

<210> 80

<211> 5834

10 <212> ADN

<213> Zea mays

<400> 80

ttatgtagag gcaattgcag tagtgccctc gtttttagagt gtaactacag atttgtccct	60
atTTTTtttag agtttgcgtg tttgtccctg ttttttcaaa tcaaactatt gtatacccct	120
actccattag ttatacttaa caatgttaag tcttgataaa aagacaaggg ataattggat	180
tagtgaccct gtttttagagt gtaattatag ctttgcctga tgttttagac ttcacatgtt	240
tttatgacaa ttcaaattgt ttccataaca tcttaaatta ttttgacaac atttagaatt	300
gttttgcaat aattttaaatt atttccaaaa taaaaatatt ttgacaatta ttttatcaac	360
aaatttaaatt atTTTTttta caaaataatt tgtcaaggta cttttttaaa attttgaaaa	420
taatcaaatt attgtaaata taatttgaat tgttgcgaaa ataatttgga ttgtcataaa	480
aacacgtaag tctaaaaatt aggcgtaaaa ctacaattat actctaaaaa ggtggtaatg	540
gcgtagattgt tccttgtcta ttttatcaag acatagcacc gtgcagtaca actaatggag	600
tagtgacata caacaatttt gttttaaata ataggggtaa atacgcaaag tctaaaaaac	660
agaggtaaat ctacaattac atgttaaaat agaggcatcg atacaattgt accttttata	720
tagcagcatg cgccctgttg ggatacaatt gtacctttca catgtcttct agatggttcc	780
caaccctttg gccaaagatcg tacagataat attgcgagga gcccaaatca acggtgtcca	840
tatgttatgt tgatgtggat ggtttaccta ggcgcaaaag tgcgctggtt tcgtccgtac	900
aaatatactt taagtattgt tttgattttt ttctattttt cattttttta ataaaacgag	960
acaatcaaat ctgatataaa aatcaaatga attataaata gagacggaaa gagtatatat	1020
atTTgttttg ctattattta aagtattaaa agatagtgga cgaatgaacg tcctctatgt	1080
ttaaaagaac gtttttagagg acgttgtgtt gttgaaggaa atatgaaaaa aaaaatcttct	1140
gcatatttag aaggaggag cgtttacaca ttactttcgg gacttcaacc caaatatgtc	1200
aaggtttgtg agtggctcag tgcggaaaaa aaatcctata tataccagat gtaaacacta	1260
tcttttacag cctatcacat tcacatttag aggttcacaa agatagatca aaatttataa	1320
aataatcatt taatatTTTT tttattttat ttatatggat aagcagctgg tgtatgtgag	1380
gagctgtaaa agatatTTTT tacatccgag atgtaaagat tttttttaac tcaatgctgg	1440
ttaccggctg ggaggacgat gataaagaaa gcatctctca ctgcattccg ggcccactac	1500
tcaaacggtc ggcacgccag gttggcaggt agccgttaca tcgataggca ctcgccact	1560
cgcacgcaga caccacacca gtgtgctcag tgtcactgc tcaccataat aacgctgcac	1620
ctcttttcat ttcaccatct cctgccccct taaaaaaaag actcaccgtc gacacgccct	1680
cccgtcccga gagttctgaa tcgaaaccgt cggccacgag agcagtgcga ggcgcccacc	1740
gcgatggctc gaaccaagca ccaggccgtg aggaagacgg cggagaagcc caagaagaag	1800

ctccagttcg agcgctcagg taaccggggt cccgcgctcc ccccgcttc gcaagcagac	1860
gctgtcgctt ctctccgacc ctggtgctaa gcacgttcct tgttccgtct tttgcagggtg	1920
gtgcgagtag ctccggcgacg ccggtgagcg cgtgcgtgcg gggatcagtt ccttcctttt	1980
gccttttttt gttgggctgc tcttacttgc ttgcaagctg tttgatggaa tgcaggaaag	2040
ggctgctggg accgggggaa gagcggcgtc tggagggtgac tcagggtgagg acctatttgt	2100
cgttgctgga tgcgtgggtt cgcttgcaat ctaattttgt tgcaagatga gggcgaatgt	2160
gccagttcca tgtgggtgtc atggtctcgg agttactacc ttaattgtc accatagtat	2220
gttttcttaa aaaaaacagt taagaagacg aaaccacgcc accgctggcg gccagggact	2280
gtagcgctgc gggagatcag gaagtaccag aagtccactg aaccgctcat cccctttgcg	2340
cctttcgtcc gtgtggtggg tgcaggcggtg tttgtcctct gcatagtagt gggttgttcc	2400
gcattctgtc taatggaaag ttattcttct gagaaaaaa atgcagggtga gggagttaac	2460
caatttcgta acaaacggga aagtagagcg ctataccaca gaagccctcc ttgcgtgca	2520
agaggctcagt tatgaaaaat gtcttatctc tctgttaaga tcctcttcat atacatagtt	2580
gctattgcta tctgaagtc ttttttttct gttaattggg ctggtactac ttactagtca	2640
ggatttcata ttgcggtttt tcctagtggg gtgtagttaa aaagtagttt aattgctttt	2700
agttaaaagg ggtgttcagg gctaaagatc aactatgaga aaacagaaat tttcccaatt	2760
cgatacccgga cagcattatg gcctgcgcta atggagggtg ttccgggcaa atactctagc	2820
ctacctggga agtaccttgg gttgccctt catttcagga aagtaaaaag gaatgatctt	2880
caacctctaa tcgaaaaaat caacaacagg ctggccttgc tggaaaggca agatgttgtc	2940
caaggctggg atagaaactc ttgtaaaatc gatgctatcc gcacaaccaa tctaccatct	3000
aatgggtttt ccacctcaaa aatggctgct gcaacaatt gacaaaatac gaagaaactt	3060
cctgtggaga gggagcaatc cagaagttg cagcgggggt cactgcctcg tcaactggcc	3120
cgtaacttgc ctcccaaaga acaaggaggg tcttggaatt ctggaccttg atcgttttgc	3180
gagggggcta agactaagat ggctgtggct acgatggaag agcaaagata gggcgtggac	3240
tgccttgaag ctctcttgtg acaaaactga tgaagatctc ttcaatgctt ccacaactgt	3300
cacggtaggc aatggaaaga tagctgaatt ctggaattct agttggatcc aaggccaagc	3360
ccctaagaac attgcgcaa cactgttcaa gaaggaaaag aggaagaaca tcacggtcgc	3420
caaagcgctc actaacaaca attggattcg tttatgtcca ccatacacgg gtgaggggga	3480
gtttagagag gtcgtctctc tttggcaggc cataggtaac atgcaagagc ttaacggttt	3540
ggaagacaac atctcttggg gatggacggc agatgggcag tacagtgtc gcagtgcata	3600
caaaatccag ttcgcatcca atttcactaa aatgaacctc tgccctattt ggaaggctaa	3660
agtggaaaccg aaatgccgat tttttgcttg gacactactt cataagagaa ttctgactgc	3720
cgataacctt cataaaagag gttgcaactc agcctcagaa acaattcccc acttatgcaa	3780
ggattgcccc tttagtagag aggtgtggaa caaagttttg tctcggggca actttccttt	3840

actgactggg tctcccagtg acactttcttt gtatgattgg tggacggaca tgtgcagcct 3900
 ttgcagcaga caggcaagaa gaggtttcga cggctctgcta tttcactttt ggtggaactt 3960
 atggctggaa agaaataaca gaatctttca aaggcagcgt agaagtgtag atcaagttgc 4020
 tctggcagtc aaggattatg ctagtagctg aagtctagtt ggtttggact agtggttttg 4080
 ttgcttttct ttttaatttc tttttagttc tttttatggt gttttcgttt ccttaagttg 4140
 cttggagtct gtattatcct ctttcttcta atatagatcg gagcgacaaa ctttttgccc 4200
 cttcctttca aaaaaaagtt aaaagggaa ttaactgctt tcctagtggg gtagttaaaa 4260
 tggatttcat attgcggcct ttcctagctt gcttgcattt gattggacta tagtgatcca 4320
 aatgctgata actttgtcgc ttgtgtaggc atggttagag agcttagagt ttgcatttat 4380
 tcaataacctt gagactgcat ttcataataca taaattattc atgattattt cttttctcta 4440
 tttgttctgg ttaattaaga gttttaggtt tccatatttt tgtacgtgca tcatttaaat 4500
 tcttgtattg tttttcgttc ttgtctacag gcagcagaat tccacttgat agaactgttt 4560
 gaaatggcga atctgtgtgc catccatgcc aagcgtgtca caatcagtaa gttatcactg 4620
 agtgaactcc tttttctctg tagcattact cctaataaat atgtgtgatg cattttgggt 4680
 gcacgattct ttagtgattc tgcttcagat ggatatgata aatctagatg ttattttgaa 4740
 gtggcgaatt gcttacgagc ggaaatagta atgttcaaat agcgcaaagt gcaactgttg 4800
 acttttagta ggccatttat atggtttgat taccaacaaa tacgtcaatc atatgatttg 4860
 attatcaaca aaggaatcag ctatatggtt tgattatcaa caaaggaatc agctagggtt 4920
 gcttatcaac attcaacaaa ggcataagat aatactccat ccgtttcaat ttataattcg 4980
 tttgactttt tttatctaag tttgatcggc tcgacttatt aaaaaaaatc ataattattg 5040
 ttaatttttg ttgtgatatt gtttagtata atatacttta aatgtgactt tgagtttttc 5100
 attttttcgc aaaaaaaaat gaataggacg agccgggtcaa acgtgacaca aaaaagtcaa 5160
 acgaattata atttgggaca cacggagtag taaataatgt aacaacttag agagtgggac 5220
 aaaaaaatct ctagtgggtgc taaatttagt tcagctttgt ataaacacaa gcattgattg 5280
 agaaatctga caactcaagg atctgtagga aatgtgttac cctaaatgtt ttccttactg 5340
 atgcagtga aaaggacata caacttgcaa ggcgtatcgg aggaaggcgt tgggcatgat 5400
 atataaatatc cattctgatt gcatcattct tgtgaatttg tttgtaggag ctagacatta 5460
 gtgttggtga atgctgcatg gttcctaata cttttcgcag tctaacatct gtggagttag 5520
 tatgttacat ggcaacagct gaacatctgt ggactatatg gcaacagccg aagattgtgt 5580
 ctgtgggata actggttggt ttggttgctc ttcagtagtt tgtttgcttc aggtaaccat 5640
 gctgcgaact atgatgtttt cattctcggg ttgcttcagc taaccgagat cgattcagtc 5700
 tgcagtatgg actatggagt aaactgcatg ctgaaacccg aaccactgct gaaactgcat 5760
 gctgaaaccc gaaccactgc tacggcagtt gccaggatag caggagggcc tttatgcaca 5820
 gtggaattga gtag 5834

<210> 81

<211> 471

<212> ADN

5 <213> Zea mays

<400> 81

ES 2 926 055 T3

```

atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagacggcgg agaagcccaa gaagaagctc      60
cagttcgagc gctcaggtgg tgcgagtacc tcggcgacgc cggaaagggc tgctgggacc      120
gggggaagag cggcgtctgg aggtgactca gttaagaaga cgaaaccacg ccaccgctgg      180
cggccaggga ctgtagcgct gcgggagatc aggaagtacc agaagtccac tgaaccgctc      240
atcccccttg cgcctttcgt ccgtgtggtg agggaggtta ccaatttcgt aacaacggg      300
aaagtagagc gctataccac agaagccctc cttgcgctgc aagaggcagc agaattccac      360
ttgatagaac tgtttgaaat ggcgaatctg tgtgccatcc atgccaagcg tgtcacaatc      420
atgcaaaagg acatacaact tgcaaggcgt atcgaggagg ggcgttgggc a      471

```

<210> 82

<211> 157

<212> PRT

5 <213> Zea Mays

<400> 82

```

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

```

<210> 83

10 <211> 5834

<212> ADN

<213> Zea mays

<400> 83

ttatgtagag gcaattgcag tagtgcctct gttttagagt gtaactacag atttgtccct	60
atTTTTtag agtttgcgtg tttgtccctg ttttttcaaa tcaactatt gtatacccct	120
actccattag ttatacttaa caatgttaag tcttgataaa aagacaaggg ataattggat	180
tagtgaccct gttttagagt gtaattatag ctttgcccga tgttttagac ttcacatggt	240
tttatgacaa ttcaaatgtt ttccataaca tcttaaatta ttttgacaac atttagaatt	300
gttttgcaat aattttaaatt atttccaaaa taaaaatatt ttgacaatta ttttatcaac	360
aaattaaatt atTTTTTTT caaaataatt tgtcaaggta cttttttaa atttgaaaa	420
taatcaaatt attgtaaata taatttgaat tgttgcgaaa ataatttggg ttgtcataaa	480
aacacgtaag tcaaaaaatt aggcgtaaaa ctacaattat actctaaaaa ggtggtaatg	540
gcgtagttgt tccttgtcta ttttatcaag acatagcacc gtgcagtaca actaatggag	600
tagtgacata caacaatttt gttttaaata ataggggtaa atacgcaaag tctaaaaaac	660
agaggtaaatt ctacaattac atgttaaaat agaggcatcg atacaattgt accttttata	720
tagcagcatg cgccctgttg ggatacaatt gtacctttca catgtcttct agatggttcc	780
caaccctttg gccaaagatcg tacagataat attgcgagga gcccaaatca acggtgtcca	840
tatgttatgt tgatgtggat ggtttacctt ggcgcaaaag tgcgctggtt tcgtccgtac	900
aaatatactt taagtatggt tttgattttt ttctattttt cattttttta ataaaacgag	960
acaatcaaatt ctgatataaa aatcaaattga attataaata gagacggaaa gagtatatat	1020
atTTgttttg ctattatttt aagtattaaa agatagtggg cgaatgaacg tcctctatgt	1080
ttaaaagaac gttttagagg acgttgtggt gttgaaggaa atatgaaaaa aaaatcttct	1140
gcatatttag aaggaggagg cgtttacaca ttactttcgg gacttcaacc caaatatgtc	1200
aaggtttgtg agtggtcag tgcggaaaaa aaatcctata tataccagat gtaaactacta	1260
tcttttacag cctatcacat tcacatttag aggttcacaa agatagatca aaatttataa	1320
aataatcatt taatattttt tttattttat ttatatggat aagcagctgg tgtatgtgag	1380
gagctgtaaa agataattttt tacatccgag atgtaaagat tttttttaac tcaatgctgg	1440
ttaccggctg ggaggacgat gataaagaaa gcatctctca ctgcattccg ggccactac	1500
tcaaacgttc ggcacgccag gttggcagggt agccgttaca tcgataggca ctcggccact	1560
cgcacgcaga caccacacca gtgtgctcag tgctcactgc tcaccataat aacgctgcac	1620
ctcttttcat ttcaccatct cctgccccct taaaaaaaag actcaccgtc gacacgccct	1680
cccgtcccga gagttctgaa tcgaaaccgt cggccacgag agcagtgcga ggcgccacc	1740
gcgatggctc gaaccaagca ccaggccgtg aggaagacgg cggagaagcc caagaagaag	1800

ctccagttcg agcgctcagg taacccgggt cccgcgctcc ccccgcttc gcaagcagac	1860
gctgtcgctt ctctccgacc ctggtgctaa gcacgttctt tggtccgtct tttgcaggtg	1920
gtgcgagtac ctccggcgacg ccggtgagcg cgtgcgtgcg gggatcagtt ccttcctttt	1980
gccttttttt gttgggctgc tcttacttgc ttgcaagctg tttgatggaa tgcaggaaag	2040
ggctgctggg accgggggaa gagcggcgtc tggaggtgac tcaggtgagg acctatttgt	2100
cgttgctgga tgctgggttt cgcttgcaat ctaattttgt tgcaagatga gggcgaatgt	2160
gccagttcca tgtgggtgtc atggtctcgg agttactacc ttaattgctc accatagtat	2220
gttttcttaa aaaaaacagt taagaagacg aaaccacgcc accgctggcg gccagggact	2280
gtagcgctgc gggagatcag gaagtaccag aagtccactg aaccgctcat cccctttgcg	2340
cctttcgtcc gtgtggtggg tgcaggcggtg tttgtcctct gcatagtatg gggttgttcc	2400
gcattctgtc taatggaaag ttattcttct gagaaaaaaa atgcaggtga gggagttaac	2460
caatttcgta acaaacggga aagtagagcg ctataccgca gaagccctcc ttgcgctgta	2520
agaggtcagt tatgaaaaat gtcttatctc tctgttaaga tcctcttcat atacatagtt	2580
gctattgcta tcgtgaagtc ttttttttct gttaattggg ctggtactac ttactagtca	2640
ggatttcata ttgcggtttt tcctagtggg gtgtagttaa aaagtagttt aattgctttt	2700
agttaaaagg ggtgttcagg gctaaagatc aactatgaga aaacagaaat tttcccaatt	2760
cgatacccgga cagcattatg gcctgcgcta atggaggtgt ttccgggcaa atactctagc	2820
ctacctggga agtaccttgg gttgccccct catttcagga aagtaaaaag gaatgatctt	2880
caacctctaa tcgaaaaaat caacaacagg ctggccttgc tggaaaggca agatgttgtc	2940
caaggctggt atagaaactc ttgtaaaatc gatgctatcc gcacaacca tctaccatct	3000
aatgggtttt ccacctcaaa aatggctgct gcaacaatt gacaaaatac gaagaaactt	3060
cctgtggaga gggagcaatc cagaagtttg cagcgggggt cactgcctcg tcaactggcc	3120
cgtaacttgc ctcccaaaga acaaggaggg tcttgggaatt ctggaccttg atcgttttgc	3180
gaggggggcta agactaagat ggctgtggct acgatggaag agcaaagata gggcgtggac	3240
tgctttgaag cttccttgtg acaaaactga tgaagatctc ttcaatgctt ccacaactgt	3300
cacggtaggc aatggaaaga tagctgaatt ctggaattct agttggatcc aaggccaagc	3360
ccctaagaac attgcgcaa cactgttcaa gaaggaaaag aggaagaaca tcacggtcgc	3420
caaagcgctc actaacaaca attggattcg tttatgctca ccatacacgg gtgaggggga	3480
gtttagagag gtcgtctctc tttggcaggc cataggtaac atgcaagagc ttaacggttt	3540
ggaagacaac atctcttggg gatggacggc agatgggcag tacagtgcta gcagtgcata	3600
caaaatccag ttcgcatcca atttcactaa aatgaacctc tgccctatth ggaaggctaa	3660
agtggaaaccg aaatgccgat tttttgcttg gacactactt cataagagaa ttctgactgc	3720
cgataacctt cataaaagag gttgcaactc agcctcagaa acaattcccc acttatgcaa	3780
ggattgcccc tttagtagag aggtgtggaa caaagttttg tctcgggcca actttccttt	3840

ES 2 926 055 T3

```

actgactggg tctcccagtg acacttcttt gtatgattgg tggacggaca tgtgcagcct 3900
ttgcagcaga caggcaagaa gaggtttcga cggcttgcta tttcactttt ggtggaactt 3960
atggctggaa agaaataaca gaatctttca aaggcagcgt agaagtgtag atcaagttgc 4020
tctggcagtc aaggattatg ctagtagctg aagtctagtt ggtttgact agtggttttg 4080
ttgcttttct ttttaatttc tttttagttc tttttatggt gttttcgttt ccttaagttg 4140
cttggagtct gtattatcct ctttcttcta atatagatcg gagcgacaaa cttttgccc 4200
cttcctttca aaaaaaagt aaagggaat ttaactgctt tcctagtggg gtagttaaaa 4260
tggatticat attgcggcct ttcctagctt gcttgctatt gattggacta tagtgatcca 4320
aatgctgata actttgtcgc ttgtgtaggc atggttagag agcttagagt ttgcatttat 4380
tcaatacctt gagactgcat ttcataatac taaattattc atgattatct cttttctcta 4440
tttgttctgg ttaattaaga gttttagggt tccatatttt tgtacgtgca tcatttaaatt 4500
tcttgatttg tttttcgttc ttgtctacag gcagcagaat tccacttgat agaactgttt 4560
gaaatggcga atctgtgtgc catccatgcc aagcgtgtca caatcagtaa gttatcactg 4620
agtgaactcc tttttctctg tagcattact cctaataaat atgtgtgatg cattttgggt 4680
gcacgattct ttagtgattc tgcttcagat ggatatgata aatctagatg ttattttgaa 4740
gtggcgaatt gcttacgagc ggaaatagta atgttcaaat agcgcaaagt gcaactgttg 4800
acttttagta ggccatttat atggtttgat taccaacaaa tacgtcaatc atatgatttg 4860
attatcaaca aaggaatcag ctatatggtt tgattatcaa caaaggaatc agctagggtt 4920
gcttatcaac attcaacaaa ggcattcaagt aatactccat ccgtttcaat ttataattcg 4980
tttgactttt tttatctaag ttgtatcggc tcgacttatt aaaaaaaatc ataattattg 5040
ttaatttttg ttgtgatatt gtttagtata atatacttta aatgtgactt tgagtttttc 5100
attttttcgc aaaaaaaat gaataggacg agccgggtcaa acgtgacaca aaaaagtcaa 5160
acgaattata atttgggaca cacggagtag taaataatgt aacaacttag agagtgggac 5220
aaaaaaatct ctagtgggtg taaatttagt tcagctttgt ataaacacaa gcattgattg 5280
agaaatctga caactcaagg atctgtagga aatgtgttac cctaaatgtt ttccttactg 5340
atgcagtgca aaaggacata caacttcaa ggcgtatcgg aggaaggcgt tgggcatgat 5400
atataatata cattctgatt gcatcattct tgtgaatttg tttgtaggag ctgacatta 5460
gtgtttgtga atgctgcatg gttcctaata cttttcgag tctaactct gtggagttag 5520
tatgttacat ggcaacagct gaacatctgt ggactatatg gcaacagccg aagatttgtt 5580
ctgtgggata actggttggt ttggttgctc ttcagtagtt tgtttgcttc aggtaaccat 5640
gctgcgaact atgatgtttt cattctcggg ttgcttcagc taaccgagat cgattcagtc 5700
tgcagtatgg actatggagt aaactgcatg ctgaaacccg aaccactgct gaaactgcat 5760
gctgaaaccc gaaccactgc tacggcagtt gccaggatag caggagggcc tttatgcaca 5820
gtggaattga gtag 5834

```

<210> 84

<211> 471

<212> ADN

5 <213> Zea mays

<400> 84

ES 2 926 055 T3

```

atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagacggcgg agaagcccaa gaagaagctc      60
cagttcgagc gctcaggtgg tgcgagtacc tcggcgacgc cggaaagggc tgctgggacc      120
gggggaagag cggcgtcttg aggtgactca gttaagaaga cgaaaccacg ccaccgctgg      180
cggccagggg ctgtagcgct gcgggagatc aggaagtacc agaagtccac tgaaccgctc      240
atcccccttg cgcctttcgt ccgtgtggtg agggagttaa ccaatttcgt aacaaacggg      300
aaagtagagc gctataccgc agaagccctc cttgcgctgt aagaggcagc agaattccac      360
ttgatagaac tgtttgaaat ggcgaaatctg tgtgccatcc atgccaagcg tgtcacaatc      420
atgcaaaagg acatacaact tgcaaggcgt atcggaggaa ggcgttgggc a                471

```

<210> 85

<211> 113

<212> PRT

5 <213> Zea Mays

<400> 85

```

Met Ala Arg Thr Lys His Gln Ala Val Arg Lys Thr Ala Glu Lys Pro
 1          5          10          15

Lys Lys Lys Leu Gln Phe Glu Arg Ser Gly Gly Ala Ser Thr Ser Ala
 20          25          30

Thr Pro Glu Arg Ala Ala Gly Thr Gly Gly Arg Ala Ala Ser Gly Gly
 35          40          45

Asp Ser Val Lys Lys Thr Lys Pro Arg His Arg Trp Arg Pro Gly Thr
 50          55          60

Val Ala Leu Arg Glu Ile Arg Lys Tyr Gln Lys Ser Thr Glu Pro Leu
 65          70          75          80

Ile Pro Phe Ala Pro Phe Val Arg Val Val Arg Glu Leu Thr Asn Phe
 85          90          95

Val Thr Asn Gly Lys Val Glu Arg Tyr Thr Ala Glu Ala Leu Leu Ala
100          105          110

Leu

```

<210> 86

<211> 3060

10 <212> ADN

<213> Sorghum bicolor

<400> 86

catctctcac tgccatccgg gtccactact cccaacgttc ggcacgccag gtatagccgt	60
taccccggtgta gggccactg gtacacggac aaagggttagc ggtcaccgag aatcgtgaat	120
acttgtgact acgggggtgct aattataaaa acgccgcaca tcccttcgtt tcgccatttc	180
accccccttc ccttcccgta gagaggaaaa aaaccacccg tcgaccgcc cggccgccg	240
agagtcttga atcgaaaccg tcggccgcga ccgcgagagc agcgcggggc gccacccgtg	300
atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagctgccgc agaagcccaa gaagaagctc	360
cagtctgagc gcgcaggtaa gcccgcgtcc ccgcgctgaa cccccctccg cctcgcgagc	420
agacgtgcc gctgctctcc gtgcgccctg gtgctaagcg cgttcctttt tttccttct	480
tttgagggtg gggcgagtac gtcggcgacc ccggtgagtg cgtgcgtgcg tgcgggaatt	540
ggttttagcc ctctttttgc ggtttcgcct tttgttgggc tggctcact tgcctgcaat	600
ctgtttgatg gaatgcagga gaggaggaat gctgggaccg ggggaggagc cgcggctcgc	660
ggtgaggatc tctttgtcgt tgctgggttt gggaaatttc ggcgcgaaat tatgtggatt	720
tctaggttta tctgccgtct ttcttcttgt ctctctttt ggctctgggg tgagaagtta	780
gggtggttgg gcggacatgg tgcgttatit cgccgtatcg tttggtttgg tgctttctca	840
tctttttaat tccaacatgc cttgtaaaaa ttgcacaaga tttgtttttt catgcatgtc	900
tcagtgttgc taatttgctt ttccggttcg gttggtagaa ttcaatttct tggcgcaata	960
tgcatcttct tttgttgcaa catgaggggc aatgtgccag ttccatatgg gcgtcgcggt	1020
tttgaagtta ctaccttgct tgctcttcgt attataggcg tcattcaca tagtatgttt	1080
tcttgagat gcagttgcac gggggcggtg ggagaagaag catcgcctggc gggcagggac	1140
tgtagcgctg cgggagatca ggaagtacca gaagtccact gagccgctca tcccccttgc	1200
gcccttcgta cgtgtggtgg gtgcatcttg taccaattgt tgccactcc atagaatggg	1260
ttgtttctgc agtctgtctg atggaaagt attcttctga gaaaaaatgc aggtcaaaga	1320
gttaactgta ttcataacag actggaggat agggcgctac acccctgaag ccctccttgc	1380
gctgcaagag gtcagttatg aaacatgtct tgtgtatcag ttaagatcat cttctataga	1440
cataattgtt atcatgaagt ctttttctgt taatcggctt ggtactactt aataatcagg	1500
atttcagatt gctgcctttc ctagtgtgt agtcaaaagg gaatttaagt gctgttaggt	1560
actgtttgtt ttggtgtttt gaaccctgcc gcgatcgggt gttgttattc catgtttgtt	1620
tctgtggcag cggacgttca cgggtgagat ggatacgggc gtgtgaaaca tagttacggt	1680
ccatcttcat ggcttatcca ttacgctgc tcgtccgctc acttgttatg tgcggcaacc	1740
aaacttttgt tactagtgt actggtagcg ttgcaaatct ttccatttgc gttaccactc	1800
cctatgggag ccaaacagca ccttagtgta gattccattt gtattacttg agctagcttc	1860
cttgctattg gtgcctcgat tgtactgtta tgatcgaagt gctgaaaact ttgtcgctg	1920
catagcatga ttagagaact tgagtttaca ttatttcaat accttaagac tgcatttcgt	1980

atagataaat tatttttcct aattgttctg gttaaactgtt ttaggtttcc atatttttgt 2040
atgtgtatca tttaaattat tgtgttggtt ttcttcctg tctacaggca gcagaattcc 2100
acttgataga actgtttgaa gtggcgaatc tgtgtgccat ccatgccaaag cgcgtaacag 2160
tcagtaagtt atcactgaat gaactccttt tcctctgtac tattacgcct aatggagatg 2220
tgtgatgcat ttttggttac acgattcttt agtgattctg cttcagttgg atatgataaa 2280
tctagatggt atttaaagtg gcaaattgct tacgagtggg aatagtaatg ttcaaatagt 2340
gaaaagtgc attaaacttt taataggcca ttatatggtt tgattgtcaa caaatgcatc 2400
aagaaatagt aaatattata acagttatgg cttagagagt ggacaaaaaa tcgtaaatgg 2460
tgagctttgt ataaacacta aaactggctg agaaatctga taactcaagg atctatagga 2520
aatgtattat cctaaatgtt ttcttcctg ctgcagtgc aaaggacata caacttgcaa 2580
ggcgtatcgg aggaaggcgt tggctgtgat atccattctg attctgatta ccttgttcgg 2640
gtggaatttg tttagaggag ttagacatta gtcttggtga atgctgtgca tggttcctaa 2700
tctgtttcac agttagtggg ctcttctggg atgatctgtt aacacctgtg gagtatgtta 2760
tgtaggaaac acctgaactg aacaacccaa agttgttttg gttgctcttc aaccatttgt 2820
ttgcttcaga gatcgattct aaactgcatg ctaattagtc tatggttgaa caaaaattat 2880
caaatataaa tgaaagtgat atagtagcaa aatccaaaaa aaaaaggatc caacaaggc 2940
ctaaaatcat ggttctttct ccttttgaac tgggtgcaag tatggacagg cacagaagaa 3000
aaccgcctag caaacggtt gttttttttt cttcgttgta ccacacgaca ctgttcgttc 3060

<210> 87

<211> 471

<212> ADN

5 <213> Sorghum bicolor

<400> 87

atggctcgaa ccaagcacca ggccgtgagg aagctgccgc agaagcccaa gaagaagctc 60
cagttcgagc gcgcaggtgg ggcgagtacg tcggcgaccc cggagaggag gaatgctggg 120
accgggggag gagccgcggc tcgcgttgca cgggggcgtg tggagaagaa gcatcgctgg 180
cgggcaggga ctgtagcgct gcgggagatc aggaagtacc agaagtccac tgagccgctc 240
atcccccttg cgcccttcgt acgtgtgggc aaagagttaa ctgtattcat aacagactgg 300
aggatagggc gctacacccc tgaagccctc cttgcgtgac aagaggcagc agaattccac 360
ttgatagaac tgtttgaagt ggcgaatctg tgtgccatcc atgccaagcg cgtaacagtc 420
atgcaaaagg acatacaact tgcaaggcgt atcggaggaa ggcgttggtc g 471

<210> 88

<211> 157

10 <212> PRT

<213> Sorghum bicolor

<400> 88

Met Ala Arg Thr Lys His Gln Ala Val Arg Lys Leu Pro Gln Lys Pro

ES 2 926 055 T3

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

<210> 89

<211> 8400

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 89

ctactctttc	tctctctctc	tctctccatt	tctgtttgaa	atcatgagag	ttaaacacac	60
tgctgccagg	aaatcaacca	ccaacggtcc	tcgttcaagt	tagtttcctc	tctcttcttc	120
ttttttgttc	gcattctctc	aatctatatt	tcaaatttga	aaaaaattgt	gatgctcata	180
aaccctaaaa	ttttcttgta	cagaggctca	gaaatctccg	cgcagtttgc	aatcaccaca	240
atcggttctc	tctttgtact	tttgatttgt	tttctcttca	tttgttcgat	gaatggctct	300
taattgtctt	ttatttactt	gaaaattgca	gccttctagt	agttcaaagc	gcaaatcact	360
cagaaacact	gatgcaactc	ctcaaagtaa	ctttttcttt	aatattaggt	ttaattttac	420
tgctgtttgc	caaattctgt	tgaaattgta	aaatattttt	tttcttaaat	ttgacggttt	480
cagagaagaa	ggcttaccgc	cgtaagccgg	gcactgtggc	actctgggaa	atacgcaaat	540
ttcagaagtc	attcaagccc	ttgattcctg	ctgcgccttt	cattcgaaca	gtatgtattt	600
tttttgtttg	tacttaataa	atgaattttg	gactgggtgt	tgtgtggctg	catagaaaata	660
tatttccata	caactgaaat	tgtcctagga	ggtatcgatg	aatgtttgct	acaaaataaa	720

taaatataag tgattatatc ttgttaaaaa gccattataa ttgcaactta tatgtatggt	780
gtaatgaggt caactagcta ttttgtgcaa agtcacccac actttaacat aattttgtgc	840
tctcgtaac ttaaaaaat ataagtaaag ggttgatttg gtctaattag agctgatgaa	900
acccaattag attgaaacat aagggtgaaat cagggtggtga tcagcttcaa ttagatctaa	960
taagtgcagt ttagtttagc ttcggtgaaa tgaacacacc cttaaagata gaaaatcgac	1020
actatatatg gtccttttta gatatgatag ttcgatattc tgttttgggg tgtgttgaat	1080
gattaaatgg agtgggtgaat agctgatggg aactagagaa gatgctcagt agacagttat	1140
tgtggagact atattactga ttacccctgt tcttgagtgg ttaggacaat gtgacaattg	1200
attttgggta ttattttag atgtttttct ttttgttaa agtgccaaga taggtgtgca	1260
gttgctgatt ctgagtttgc taagaattag ctgtgtctgt atttcgtacc tcagttgatt	1320
ctaagtgaac atttctttga attgatgctt tgttcttgca tcatgcaact tgggtgaagct	1380
ttctttagt tgcctcagtg gcaatctagt ctggtatggt tagaactctt gtgatggtat	1440
gagttcatca agatattggt gatccaatta gcctaacca tgttttttac cccctattgt	1500
cactgactta tactccctta tctataaaaa taattgtgac attgatccat ctctcacia	1560
tcattaatat tatatgtact gaccatcttt acactctcaa cactgaatct aagtagggga	1620
attttgggaa attcaatgat gaactagtac acccttcttc ccaataatat tgttgacctt	1680
tttattttga tttgtcccat attgtcctct ttggtaatth aatgtatatt cacccaattt	1740
tcttttcaat acccactata ccaacatata attggttaat tcatttttat taattatatt	1800
tcctaagagc ttgttgtgta aacgtggatg aattttagtg catggatgaa gtattgttat	1860
aatgaggtga caacattact taatttcgaa ctgagggaca gagggatatg atgataaac	1920
aacttttgct tgcttcttaa actcagaaga tagggtttac accaagtggc atgtaaaagt	1980
cactagatga ttatctatta caagggttg tacaatctga agtacgatag gatttgaagt	2040
taacaacatt catcgaaagc tcataacttg tccttatatc aatataagtt gctggcatgt	2100
gaaattgcgt tgcaagcatc catgagctag ctcaactatt aactattaaa ctttatattt	2160
ttgcttgatc tagtatgagt cctactattt agtttctcca tctaccttaa tatgtcgc	2220
acaccaacta atcattatcg ctagaatcaa taaacaaagc tttctttcct taggtgtatt	2280
agtacctagc tcctgtaata ccaagagcac ccaaatggg aagaaaaagt agaattggct	2340
catatctcta atcctacatt gatcattgaa aaggacctta aggttctcat actgaaacat	2400
catctttttg agcaggatat ctacgtagac gacaagaaag actacttttg ttgcccgtgc	2460
atttgagtgc atcagacaac ttctttacca ctgtctaacg gcttgctttg gccatattgt	2520
ggtcttctat gccaaaatta atgatatttc ttggcaccgc gctaatagata ttactgaatg	2580
cggatatcgt acgattagaa ttattcaaaa gtaggtagca attactagtt ttgagcattg	2640
agtttcaata attagtaa atagtgtctaa acttgtagat tttggctaca tgtatttgaa	2700
ttagaattgg tacgaggaaa tatagcaaca ttacgggcaa tgttcactca agtagaagcc	2760

attacatcaa atagtactag ttgaagtatt agttctcata atactaatca ttgtcattaa	2820
tggaatattg gaacgtaaat gcctttaagg tgctgtagtt ttagtagaaa ttctactatt	2880
ctagtatgat aatgcaatth attgaaactg tttgtaagat agcttggatc ccacatcagt	2940
cttgatgcta aataaatgga tgtccataat cttctaactt ttaattttgtg tctcttacca	3000
aacgagaaaa aataggagaa atccaatttg catgacctca ataaggaaat gttgttaatg	3060
tgtgatgctt gtttctcatt tatagtctag agagagttat catgtccaag attgcagtct	3120
tggtactgag aaagtttgat tgttggttg ctgcttcttg agcctctttt ttttagagta	3180
agacacttcc tagatataat tttctttatt tttttgtaaa ttccatatat actactacat	3240
taacaggtht aagtttatat taggtgagag agattactca ccagtttgct ctttatgttg	3300
gtcgttggca agctgaagct cagatggccc ttcaagagg gcagaccaac tcttttagcc	3360
tttttttttc tggcatgtca agtgtggcta ttagattttc tgtgtgattc tcaactccat	3420
atatctatat atgtacatat taaagcacat tgatacctat ctgtcagat gtggtctttt	3480
caattctttt ctaagttgag attcttctct tggtcgtaga tatgctcctg ccgaaatata	3540
ctgctgtctt gttatccatc atgacttggc tatgcttgta tctgggcatt atcttggcat	3600
gcttaaaaaa aagtattgaa cgagcctcct attgataaat ttactatta atattggatg	3660
gcttctcaaa ttctaattggc agtgagatac tgtaagttg ggagaaatag attaagaaac	3720
agaaagatgt ttacatgag agcaattgaa atagaaaata gagtaacttt ttgcaaagat	3780
tttggctctt tagattgttg aatactacct gataatgaag catthttctaa atttatgtgc	3840
tttctatcta tcagatactg gaatacaatc aaattcctat cacgtactga gcattgtgat	3900
cagattcttg ctgtcttctc atcacatact ggaatccttt tgattgttga atacaaagat	3960
aatgaagcat tctctaactt tatgtgctgt aactacttat aatgattctt gcttgcctcc	4020
tatcacgtac tcaaactcct tgtttgattt gtctcttata agaggaactt cctgtctttc	4080
tttgtcatga cttagtatth atagagggtgc caacttatgg ccttgacaac tgaagcttht	4140
atgcaaaactc cggatthttg tgatggaagt acaagtaaca ctttagcatg tggattcagg	4200
tctaacggth aagactthtt aatgaatgtt ttaactgtag tagthttatt atataaaaaa	4260
agtggctctc caaactthtt atgagatcat atcgaagtaa tcaaatttat gattcaggtg	4320
cttctgctat tattcttggc taagcatgtg ctattthtga cagtctgtca attgtaggct	4380
gcagagaatt ttattgtccg ttgttttgaa gatggtagc tttgtgcaat tcatgccaaa	4440
cgagttacac tcagttagta tctgatttcc ttcggtggtg ctgctattat gcattatata	4500
cactttgcct caatatcgtt atataaggag tccttgthtt catatttgth tgatgcatat	4560
gttatatcct gtttagtggc tgctgcagth gtgaacttac ggcctgtht attagtggtc	4620
ataaatgatg gtaatactaa tataatttag tataaatttg taaaaaaat gctaatatca	4680
atatttatgg taatgaaatt ttatcataaa acatgagthc tctthttata gthttcatta	4740
ctatccaata ccacttccc aagtggtaat gaacggtaat gaaattthg gaagaaaatg	4800

gatatttggg gattagatag cattaccatg ggtaatgaca tgagattttc tttacaactt	4860
tatactacga tgcattatca ttaccaccat ttatgaccca taaccaaaaa aaccataatg	4920
tgttaggttc atttttcatt ttcttaataa ttgtcttcac gaattttttc tggagatatc	4980
ttatctagat atttcttgcc aacatgtttc acctgataat tgatcgattt aatagttcag	5040
aactttccaa aaactatgct gctcgggtgtt ggctgtcatc catcagttta agaaaaactat	5100
tgacatgatt taagcctcgt cctgtactac taggaagggg aaactattgt tgcttccaaa	5160
aatgtctttt aagggcgtgt tcagcaacaa tagttgtagt agtagctttt agctgttagt	5220
tggtcctgta gctgttagtg gttagtgtgt aactgttagc tgttcaagta gcggtataag	5280
atattgatgt tcggtaaaag aagctgtcaa aatagctgtt tacaagaat taataaaaaa	5340
ctcaacaaa gctttaatat ataatttatg caccactaaa gctaccccaa aagctacaaa	5400
ttgtagcttt ttacaaacac tactaaaaca ctacttgtaa cactaaaagc tacttatact	5460
actattttgc caaacattat tttttttct taattagtgt ttgacctag tcaagacact	5520
aaaagctact tgaaaagctt ttgccgaaca cgcccttagt agacaagagg ggggagggg	5580
tcacaaagaa aatatgatta tactctcaac aaaaaaaaa tgtaacttaa aaaaaataaa	5640
aataaataat tgactacttc aattaagaaa agaatagaat aaaaacatta cagtggatgt	5700
ctcatccaca tccctaattt aatggcaca tagaataatt gttttaaatt tttagaaatta	5760
caacacaaga tgtaaattac tcttatcttc ctcttcgtaa tctttttact cttcctttac	5820
ctcttccttt acctctacat aaaatagaga attagagatt gattaagata attataagat	5880
tttagaaaca ttgggtaaga aattcttcaa caaacataat caagtaactc cattatttta	5940
gttttagtgac ttgctattta tcacccta attcaccatct accgccctcc ttggacaata	6000
ttgccccctc cactttcttc actcttcctt cctcaccgat cttatcatct ccttccacta	6060
tcacctttaa aaaagtgtgt caggcacaac aaaaacgctt ttatcaaccc acgcgagggc	6120
aagtacgtca ggcgcaacaa ggcgcgcacc taattctgtc ttttgccaag gctgatgggtg	6180
cacttagttt taaaaagcgc agcaaagatg tgcctaggcg caaggcgggtg aaaaaattgc	6240
atccgtcagc agcggagtag aggctcaca caatagggtc gaagaggcgt gcacgtacaa	6300
aagaagcaaa aataagaaac tcaaatatga gaccagtggt ttaacatgta aattcgatac	6360
ccagtgttta acatgtaaat tcgattaaaa gcccttaatt aattgcatga aattaattca	6420
ttttaaccta tactaaaagc cctaataatta gaaaatccta gtttgaggt tgaggaattt	6480
ggaaaattga tgattgttgg atttgaaaaa attgttgccg gcgatgaatg tgaggtgggtt	6540
tatggcacta gagaggttgg cgttcgttgc cgatgaagct ttccaaggct attctctctt	6600
tgctttcttc ctatgcctag ctctcttccc tctcttaatt cttctcttct tttctattct	6660
ctctctttat cactacatta tgtttatttc tcgttcttcc cctatgtctt tcacttggac	6720
acttcggggg tatcttcac ttttatctgc aatttgaaat ttgagaagct tccagagtcg	6780
agtgttaaac ttttgcttct ttttttttaa tcttttgccc ttttttctta gtggcccttg	6840

actagtgatg	cacatgtgac	caattactaa	atgagctttt	attttgtctc	tcttcttttt	6900
caagcaat	ttttaagta	aatcatctaa	aacaaagtac	tatccatttt	agttgtgtaa	6960
atggtgctat	tttaaaaccg	cacaaaaatt	aaaaacataa	aaataaaggt	gtgcttcgca	7020
tacaagatgt	atgcgcttc	gtcttgcccc	ttttgagact	aagactacca	taagaactta	7080
gtcacttgag	aatggaatgg	gtgcaagatg	gacgacgata	attctaaaga	cctctagaag	7140
gatagtgtat	agtaactaat	acgaaccgaa	atataagttt	aactaaaatt	ttaaagtcta	7200
tattttccata	tggtatatgc	tggaatacac	gaaatgtcca	gaattttag	tggaaccacga	7260
tccacacgtc	ttttcaggat	tctaggtgta	ttccaacgaa	aaatataaga	aaaccatatt	7320
ctactatctg	gttggtgtca	tcctttcctt	gccggcgtga	cttctcatcc	ttttattttt	7380
gtccggtgct	ggtgacacac	tttcctatga	tagtgtggtg	caaagtaagg	tgatgatatg	7440
gtgttttgta	gaggtgtggt	gatttttgtg	gtggtgggtg	gaagaggggt	ggttgcata	7500
agaaaggggt	aagagtcaat	gaggggtgga	aggggacaag	gggtatat	gtaaatgcat	7560
gtaacattag	ggtggtgttg	agtaattttt	gggaagttaa	tataaactac	ccccttttgg	7620
tacaagagag	aatacccgaa	ctactgctct	gatatttttg	ttcacgttat	ttgatgtaat	7680
tacgcaatta	atttgttttc	tataagcttc	cgcacacaat	tgtgcatata	aggctagtct	7740
aatatgagac	accaacataa	ctgactttct	tttgcaacga	aggtagcttg	tcagatttag	7800
aacatagcat	caggatttta	tttggtgtat	ctgtcatcct	tgttttattg	tttaattatg	7860
ctttgtatga	tgcatttttac	cacttcgtat	gaaaaaaagt	gaaatttcat	ttagtgggtca	7920
tttcatatatt	acgagttgtg	gacatgtttg	aacatttgat	tttggaatt	ttaagcctca	7980
tattatggag	atttatttga	cacaaatata	gccataattc	tccatcaact	tgtttctaga	8040
agtgttgctc	ttcctgatgt	acttgaattc	taattaggtt	ttatcagaca	ttatattata	8100
atgatatgat	ttacaatttg	ttgtagtga	aaaggatttg	gagctcgcgc	gaaggattgg	8160
gggcagagag	aggggatggt	aactaaacaa	cacagatgac	tcattttatt	aaggccaac	8220
aattgaattc	gctgttgatt	tcactgtgat	atactgctct	aggcttctat	tccaatgtaa	8280
tttataaatc	caaggttagt	agcatgttaa	gctttgtatt	cagtataatg	agacttatat	8340
tttgcagttg	agatttttag	tgtttgatgt	gacttgtaaa	ttgtaacttg	taagtgcgt	8400

<210> 90

<211> 462

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 90

atgagagtta	aacacactgc	tgccaggaaa	tcaaccacca	atggtcctcg	ttcaaaggct	60
cagaaatctc	cgcgcagttt	gcaatcacca	caatcgctt	ctagtattc	aaagcgcaaa	120
tcacgcagaa	acactgatgc	aactcctcaa	aagaagaagg	cttaccgccg	taagccgggc	180
actgtggcac	tctgggaaat	acgcaaattt	cagaagtcac	tcaagccctt	gattcctgct	240
gcgcctttca	ttcgaacagt	gagagagatt	actcaccagt	ttgctcctta	tggttggtcgt	300
tggaagctg	aagctcagat	ggcccttcaa	gaggctgcag	agaattttat	tgtccgtttg	360
tttgaagatg	gtatgctttg	tgcaattcat	gccaaacgag	ttacactcat	gaaaaaggat	420
ttggagctcg	cgcgaaggat	tgggggcaga	gagaggggat	gg		462

<210> 91

ES 2 926 055 T3

<211> 154

<212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 91

```

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
 1      5      10      15
Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
 20      25      30
Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
 35      40      45
Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
 50      55      60
Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
 65      70      75      80
Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
 85      90      95
Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Gln Met Ala Leu Gln Glu Ala
100      105      110
Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115      120      125
Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130      135      140
Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145      150

```

5

<210> 92

<211> 8400

<212> ADN

<213> Beta vulgaris

10 <400> 92

```

ctactctttc tctctctctc tctctccatt tctgtttgaa atcatgagag ttaaacacac      60
tgctgccagg aaatcaacca ccaacggtcc tcgttcaagt tagtttcctc tctcttcttc      120
ttttttgttc gcattctctc aatctatatt tcaaatttga aaaaaattgt gatgctcata      180

```

aaccctaataaa	ttttcttgta	cagaggctca	gaaatctccg	cgcagtttgc	aatcaccaca	240
atcggttctc	tctttgtact	tttgatttgt	ttttccttca	tttgttcgat	gaatggctct	300
taattgtctt	ttattttactt	gaaaattgca	gccttctagt	agttcaaagc	gcaaatcact	360
cagaaacact	gatgcaactc	ctcaaagtaa	ctttttcttt	aatattaggt	ttaattttac	420
tgctgtttgc	caaatctctgt	tgaaattgta	aaatattttt	tttcttaaat	ttgacgggtt	480
cagagaagaa	ggcttaccgc	cgtaagccgg	gcactgtggc	actctgggaa	atacgcaa	540
ttcagaagtc	attcaagccc	ttgattcctg	ctgcgccttt	cattcgaaca	gtatgtattt	600
tttttgtttg	tacttaataa	atgaattttg	gactgggtgt	tgtgtggctg	catagaaata	660
tatttccata	caactgaaat	tgtcctagga	ggatcgcgat	aatgtttgct	acaaaaataa	720
taaatataag	tgattatata	ttgttaaaaa	gccattataa	ttgcaactta	tatgtatgtt	780
gtaatgaggt	caactagcta	ttttgtgcaa	agtcacccac	actttaacat	aattttgtgc	840
tctcgttaacc	ttaaaaaaat	ataagtaaag	ggttgatttg	gtctaattag	agctgatgaa	900
acccaattag	attgaaacat	aagggtgaaat	cagggtggtga	tcagcttcaa	ttagatctaa	960
taagtgagct	ttagtttagc	ttcgggtgaaa	tgaacacacc	cttaaagata	gaaaatcgac	1020
actatatatg	gtccttttta	gatatgatag	ttcgatattc	tgttttgggg	tgtgttgaat	1080
gattaaatgg	agtgggtgaat	agctgatggg	aactagagaa	gatgctcagt	agacagttat	1140
tgtggagact	atattactga	ttaccctgtg	ttctgagtgg	ttaggacaat	gtgacaattg	1200
attttgggta	ttattttgtag	atgtttttct	ttttgttaaa	agtgccaaga	taggtgtgca	1260
gttgctgatt	ctcagtttgc	taagaattag	ctgtgtctgt	atttcgtacc	tcagttgatt	1320
ctaagtgaac	atttctttga	attgatgctt	tgttcttgca	tcatgcaact	tggtgaagct	1380
ttcttgtagt	tgctccagtg	gcaatctagt	ctggtatggt	tagaactctt	gtgatgggtat	1440
gagttcatca	agatattggg	gatccaatta	gcctaacc	tgttttttac	cccctattgt	1500
cactgactta	tactccctta	tctataaaaa	taattgtgac	attgatccat	ctcctcacia	1560
tcattaatat	tatatgtact	gaccatcttt	acactctcaa	cactgaatct	aagtagggga	1620
attttgggaa	attcaatgat	gaactagtac	acccttcttc	ccaataatat	tggtgacctt	1680
tttattttga	tttgtcccat	attgtcctct	ttggtaattt	aatgtatat	caccaattt	1740
tcttttcaat	accactata	ccaacatata	attgggtaat	tcatttttat	taattatatt	1800
tcctaagagc	ttgttgtgta	aacgtggatg	aatttgtagg	catggatgaa	gtattgttat	1860
aatgaggtga	caacattact	taatttcgaa	ctgagggaca	gagggatatg	atgataaaac	1920
aacttttgct	tgcttcttaa	actcagaaga	taggggtttac	accaagtggc	atgtaaaagt	1980
cactagatga	ttatctatta	caagggtctg	tacaatctga	agtacgatag	gatttgaagt	2040
taacaacatt	catcgaaagc	tcataacttg	tccttatatc	aatataagtt	gctggcatgt	2100
gaaattgcgt	tgcaagcatc	catgagctag	ctcaactatt	aactattaaa	ctttatattt	2160
ttgcttgatc	tagtatgagt	cctactattt	agtttctcca	tctaccttaa	tatgtcgc	2220

acaccaacta atcattatcg ctagaatcaa taaacaaagc tttctttcct taggtgtatt	2280
agtacctagc tcctgtaata ccaagagcac ccaaattggg aagaaaaagt agaattggct	2340
catatctcta atcctacatt gatcattgaa aaggacctta aggttctcat actgaaacat	2400
catctttttg agcaggatat ctacgtagac gacaagaaag actacttttg ttgcccgtgc	2460
at ttgagtg c atcagacaac ttctttacca ctgtctaacg gcttgctttg gccatattgt	2520
ggcttcttat gccaaaatta atgatatttc ttggcaccgc gctaataata ttactgaatg	2580
cggatatcgt acgattagaa ttattcaaaa gtaggtagca attactagtt ttgagcattg	2640
agtttcaata attagtaaat taagtgttaa acttgtagat tttggctaca tgtatttgaa	2700
ttagaattgg tacgaggaaa tatagcaaca ttacgggcaa tggtcactca agtagaagcc	2760
attacatcaa atagtactag ttgaagtatt agttctcata atactaatca ttgtcattaa	2820
tggaatattg gaacgtaaat gcctttaagg tgctgtagtt ttagtagaaa ttctactatt	2880
ctagtatgat aatgcaattt attgaaactg tttgtaagat agcttggtac ccacatcagt	2940
cttgatgcta aataaatgga tgtccataat ctctaatct ttaatttggt tctcttacca	3000
aacgagaaaa aataggagaa atccaatttg catgacctca ataaggaaat gttgttaatg	3060
tgtgatgctt gtttctcatt tatagtctag agagagttat catgtccaag attgcagtct	3120
tggtactgag aaagtttgat tggttggttg ctgcttcttg agcctctttt ttttagagta	3180
agacacttcc tagatataat tttctttatt tttttgtaaa ttccatatat actactacat	3240
taacagggtt aagtttatat taggtgagag agattactca ccagtttgct ccttatgttg	3300
gtcgttgcca agctgaagct ctgatggccc ctcaagaggt gcagaccaac tcttttagcc	3360
tttttttttc tggcatgtca agtggtggcta ttagattttc tgtgtgattc tcaactccat	3420
atatctatat atgtacatat taaagcacat tgatacctat ctgtgcagat gtggtctttt	3480
caattctttt ctaagttgag attcttctct tggtcgtaga tatgtcctg ccgaaatata	3540
ctgctgtctt gttatccatc atgacttggc tatgcttgta tctgggcatt atcttggcat	3600
gcttaaaaaa aagtattgaa cgagcctcct attgataaat ttactatta atattggatg	3660
gcttctcaaa ttctaattggc agtgagatac tgtaagttg ggagaaatag attaagaaac	3720
agaaagatgt ttacatgag agcaattgaa atagaaaata gagtaacttt ttgcaaagat	3780
tttggctcct tagattgttg aatactacct gataatgaag catcttctaa atttatgtgc	3840
tttctatcta tcagatactg gaatacaatc aaattcctat cactgactga gcattgtgat	3900
cagattcttg ctgtcttct atcacatact ggaatccttt tgattgttga atacaaagat	3960
aatgaagcat tctctaactt tatgtgctgt aactacttat aatgattctt gcttgcctcc	4020
tatcacgtac tcaaactcct tgtttgattt gtctcttata agaggaaact cctgtctttc	4080
tttgtcatga cttagtattt atagaggtag caacttatgg ccttgacaac tgaagctttt	4140
atgcaaaactc cggattttgt tgatggaagt acaagtaaca ctttagcatg tggattcagg	4200
tctaaccggt aagacttttt aatgaatggt ttaactgtag tagtttattg atataaaaaa	4260

agtggctctct caaaccttttt atgagatcat atcgaagtaa tcaaatttat gattcaggtg	4320
cttctgctat tattcttggg taagcatgtg ctatttttga cagtctgtca attgtaggct	4380
gcagagaatt ttattgtccg ttgttttgaa gatggatgc ttgtgcaat tcatgccaaa	4440
cgagttacac tcagttagta tctgatttcc ttcggtggtg ctgctattat gcattatata	4500
cactttgcct caatatcggt atataaggag tccttgtttt catatttggt tgatgcatat	4560
gttatatcct gtttagtggc tgctgcagtt gtgaacttac ggcttgttg attagtggc	4620
ataaatgatg gtaatactaa tataatttag tataaattg taaaaaaat gctaatatca	4680
atatttatgg taatgaaatt ttatcataaa acatgagttc tcttttataa gttttcatta	4740
ctatccaata ccaccttccc aagtggtaat gaacggtaat gaaatttttag gaagaaaatg	4800
gataattggg gattagatag cattaccatg ggtaatgaca tgagattttc ttacaactt	4860
tatactacga tgcattatca ttaccaccat ttatgaccca taaccaaaaa aaccataatg	4920
tgtaggttc atttttcatt ttcttaataa ttgtctcat gaattttttc tggagatattc	4980
ttatctagat atttcttgcc aacatgtttc acctgataat tgatcgattt aatagttcag	5040
aactttccaa aaactatgct gctcgggtgt ggctgtcatc catcagttta agaaaactat	5100
tgacatgatt taagcctcgt cctgtactac taggaagggg aaactattgt tgcttccaaa	5160
aatgtctttt aagggcgtgt tcagcaacaa tagttgtagt agtagctttt agctgttagt	5220
tgtgctcgta gctgttagtg gttagtgtgt aactgttagc tgttcaagta gcggtataag	5280
atattgatgt tcggtaaaag aagctgtcaa aatagctggt tacaagaat taataaaaaa	5340
ctcaaaaaa gctttaatat ataatttatg caccactaaa gctaccccaa aagctacaaa	5400
ttgtagcttt ttacaaacac tactaaaaca ctacttgtaa cactaaaagc tacttatact	5460
actattttgc caaacattat tattttttct taattagtgt ttgacctag tcaagacact	5520
aaaagctact tgaaaagctt ttgccgaaca cgcccttagt agacaagagg ggggagggg	5580
tcacaaagaa aatatgatta tactctcaac aaaaaaaaaa tgtaacttaa aaaaaataaa	5640
aataaataat tgactacttc aattaagaaa agaatagaat aaaaacatta cagtggatgt	5700
ctcatccaca tccctaattt aatggcacia tagaataatt gttttaaatt ttagaaatta	5760
caacacaaga tgtaaattac tcttatcttc ctcttcgtaa tctttttact cttcctttac	5820
ctcttccttt acctctacat aaaatagaga attagagatt gattaagata attataagat	5880
tttagaaaca ttgggtaaga aattcttcaa caaacataat caagtaactc cattatttta	5940
gttagtgac ttgtatttta tcaccctaatt ttcaccatct accgccctcc ttggacaata	6000
ttgccccttc cactttcttc actcttcctt cctcacgcat cttatcatct ctttccacta	6060
tcacctttta aaaagtgtgt caggcacaac aaaaacgctt ttatcaaccc acgcgaggcg	6120
aagtacgtca ggcgcaacaa ggcgcgcacc taattctgtc ttttgccaag gctgatggg	6180
cacttagttt taaaaagcgc agcaaatgatg tgcctaggcg caaggcggtg aaaaaattgc	6240
atccgtcagc agcggagtag aggctcacia caatagggtgc gaagaggcgt gcacgtacaa	6300

aagaagcaaa aataagaaac tcaaatatga gaccagtggt ttaacatgta aattcgatac	6360
ccagtgttta acatgtaaat tcgattaaaa gcccttaatt aattgcatga aattaattca	6420
ttttaaccta tactaaaagc cctaataatta gaaaatccta gtttgcaggt tgaggaattt	6480
ggaaaattga tgattgttgg atttgaaaaa attgttgccg gcgatgaatg tgagggtggt	6540
tatggcacta gagagggttg cgttcgttgc cगतgaagct ttccaaggct attctctcct	6600
tgtcttcttc ctatgcctag ctctcttccc tctccttaat ctctcttct tttctattct	6660
ctctctttat cactacatta tgtttatttc tcgttcttcc cctatgtctt tcacttggaac	6720
acttcggggg tatcttcatc ttttatctgc aatttgaagt ttgagaagct tccagagtcg	6780
agtgttaaac ttttgcctt ttttttttaa tcttttgccc tttttctta gtggcccttg	6840
actagtgatg cacatgtgac caattactaa atgagctttt attttgtctc tcttcttttt	6900
caagcaattt tttttaagta aatcatctaa aacaaagtac tatccatttt agttgtgtaa	6960
atgggtgctat tttaaaaccg cacaaaaatt aaaaacataa aaataaagggt gtgcttcgca	7020
tacaagatgt atgcgccttc gtcttgcccc ttttgagact aagactacca taagaactta	7080
gtcacttgag aatggaatgg gtgcaagatg gacgacgata attctaaaga cctctagaag	7140
gatagtgtat agtaactaat acgaaccgaa atataagttt aactaaaatt ttaaagtcta	7200
tatttccata tggatatatgc tgggaatacac gaaatgtcca gaattttag taggaccacga	7260
tccacacgtc ttttcaggat tctaggtgta ttccaacgaa aaatataaga aaaccatatt	7320
ctactatctg gttgttgtca tcctttcctt gccggcgtaga ctctcatcc tttattttt	7380
gtccggtgct ggtgacacac tttcctatga tagtgtggtg caaagtaagg tgatgatatg	7440
gtgttttgta gaggtgtggt gatttttgtg gtggtgggtg gaagaggggt ggttgcatat	7500
agaaaggggt aagagtcaat gaggggtgga aggggacaag gggatatattg gtaaatgcat	7560
gtaacattag ggtggtgttg agtaattttt gggaaagttaa tataaactac ccccttttg	7620
tacaagagag aatacccgaa ctactgctct gatatttttg ttcacgttat ttgatgtaat	7680
tacgcaatta atttgttttc tataagcttc cgcacacaat tgtgcatata aggctagtct	7740
aatatgagac accaacataa ctgactttct tttgcaacga aggtaccttg tcagatttag	7800
aacatagcat caggatttta tttgttgtat ctgtcatcct tgtttattgc ttttaattatg	7860
ctttgtatga tgcattttac cacttcgtat gaaaaaaagt gaaatttcat ttagtggtca	7920
tttacatatt acgagttgtg gacatgtttg aacatttgat tttggaaatt ttaagcctca	7980
tattatggag atttattgga cacaaatata gccataattc tccatcaact tgtttctaga	8040
agtgttgctc ttcctgatgt acttgaattc taattaggtt ttatcagaca ttatattata	8100
atgatatgat ttacaatttg ttgtagtgaa aaaggatttg gagctcgcgc gaaggatttg	8160
gggcagagag aggggatggt aactaaacaa cacagatgac tcatttattt aagggccaac	8220
aattgaattc gctgttgatt tcactgttat atactgctct aggccttctat tccaatgtaa	8280
tttataaatc caaggttagt agcatgttaa gctttgtatt cagtataatg agacttatat	8340
tttgcagttg agattttagt tgtttgatgt gacttgtaaa ttgtaacttg taagtgcagt	8400

<210> 93

<211> 462

5 <212> ADN

<213> Beta vulgaris

<400> 93

ES 2 926 055 T3

```

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggtcctcg ttcaaaggct      60
cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatcgcttt ctagtagttc aaagcgcaaa      120
tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg cttaccgccg taagccgggc      180
actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct      240
gcgcctttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt      300
tggcaagctg aagctctgat ggccctcaa gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg      360
tttgaagatg gtatgctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaaggat      420
ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat gg                          462

```

<210> 94

<211> 154

<212> PRT

5 <213> Beta vulgaris

<400> 94

```

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
 1          5          10          15

Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
 20          25          30

Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
 35          40          45

Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
 50          55          60

Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
 65          70          75          80

Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
 85          90          95

Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Leu Met Ala Pro Gln Glu Ala
100          105          110

Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115          120          125

Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130          135          140

Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145          150

```

<210> 95

10 <211> 8400

<212> ADN

<213> Beta vulgaris

<400> 95

ctactctttc tctctctctc tctctccatt tctgtttgaa atcatgagag ttaaaccacac	60
tgctgccagg aaatcaacca ccaacggtcc tcgttcaagt tagtttcctc tctcttcttc	120
ttttttgttc gcattctctc aatctatatt tcaaatttga aaaaaattgt gatgctcata	180
aaccctaataa ttttcttgta cagaggctca gaaatctccg cgcagtttgc aatcaccaca	240
atcggttctc tctttgtact tttgatttgt ttttccttca tttgttcgat gaatggctct	300
taattgtctt ttatttactt gaaaattgca gcccttctagt agttcaaagc gcaaatcact	360
cagaaacact gatgcaactc ctcaaagtaa ctttttcttt aatattaggt ttaattttac	420
tgctgtttgc caaattctgt tgaaattgta aaatatTTTT tttcttaaatt ttgacggttt	480
cagagaagaa ggcttaccgc cgtaagccgg gcactgtggc actctgggaa atacgcaaatt	540
ttcagaagtc attcaagccc ttgattcctg ctgcgccttt cattcgaaca gtatgtattt	600
tttttgtttg tacttaataa atgaattttg gactgggtgtt tgtgtggctg catagaaata	660
tatttccata caactgaaat tgtcctagga ggtatcgatg aatgtttgct acaaaataaa	720
taaaataaag tgattatata ttgttaaaaa gccattataa ttgcaactta tatgtatgtt	780
gtaatgaggt caactagcta ttttgtgcaa agtcacccac actttaacat aattttgtgc	840
tctcgtaacc ttaaaaaaat ataagtaaag ggttgatttg gtctaattag agctgatgaa	900
acccaattag attgaaacat aagggtgaaat cagggtggtga tcagcttcaa ttagatctaa	960
taagtgcagt ttagtttagc ttcggtgaaa tgaacacacc cttaaagata gaaaatcgac	1020
actatatatg gtccttttta gatatgatag ttcgatattc tgttttgggg tgtgttgaat	1080
gattaaatgg agtgggtaat agctgatggg aactagagaa gatgctcagt agacagttat	1140
tgtggagact atattactga ttaccctgtt ttctgagtgg ttaggacaat gtgacaattg	1200
attttgggta ttatttgtag atgtttttct tttgttaaa agtgccaaga taggtgtgca	1260
gttgctgatt ctgagtttgc taagaattag ctgtgtctgt atttcgtacc tcagttgatt	1320
ctaagtgaac atttctttga attgatgctt tgttcttgca tcatgcaact tgggtgaagct	1380
ttcttgtagt tgctccagtg gcaatctagt ctggtatggt tagaactctt gtgatgggtat	1440
gagttcatca agatattggg gatccaatta gcctaaccaa tgttttttac cccctattgt	1500
cactgactta tactccctta tctataaaaa taattgtgac attgatccat ctctcacaa	1560
tcattaatat tatatgtact gaccatcttt acactctcaa cactgaatct aagtagggga	1620
attttgggaa attcaatgat gaactagtac acccttcttc ccaataatat tgttgacctt	1680
tttattttga tttgtcccat attgtcctct ttggtaattt aatgtatatt caccaattt	1740

tcttttcaat acccactata ccaacatata attggttaat tcatttttat taattatatt	1800
tcctaagagc ttgttggtga aacgtggatg aatttgtagg catggatgaa gtattggtat	1860
aatgaggtga caacattact taatttcgaa ctgagggaca gagggatatg atgataaaac	1920
aacttttgct tgctttctaa actcagaaga tagggtttac accaagtggc atgtaaaagt	1980
cactagatga ttatctatta caagggcttg tacaatctga agtacgatag gatttgaagt	2040
taacaacatt catcgaaagc tcataacttg tccttatatc aatataagtt gctggcatgt	2100
gaaattgcgt tgcaagcatc catgagctag ctcaactatt aactattaaa ctttatattt	2160
ttgcttgatc tagtatgagt cctactattt agtttctcca tctacctaa tatgtcgcat	2220
acaccaacta atcattatcg ctagaatcaa taaacaaagc tttctttcct taggtgtatt	2280
agtacctagc tcctgtaata ccaagagcac ccaaatggg aagaaaaagt agaattggct	2340
catactctta atcctacatt gatcattgaa aaggacctta aggttctcat actgaaacat	2400
catctttttg agcaggatat ctacgtagac gacaagaaag actactttgg ttgccgtgc	2460
atgtgagtgc atcagacaac ttttttacca ctgtctaacg gcttgctttg gccatattgt	2520
ggctttctat gccaaaatta atgatatttc ttggcaccgc gctaataata ttactgaatg	2580
cggatatcgt acgattagaa tttattcaaa gtaggtagca attactagtt ttgagcattg	2640
agtttcaata attagtaaata taagtgttaa actgtacat tttggctaca tgtatttgaa	2700
ttagaattgg tacgaggaaa tatagcaaca ttacgggcaa tgttcactca agtagaagcc	2760
attacatcaa atagtactag ttgaagtatt agttctcata atactaatca ttgtcattaa	2820
tggaatattg gaacgtaaat gcctttaagg tgctgtagtt ttagtagaaa ttctactatt	2880
ctagtatgat aatgcaattt attgaaactg tttgtaagat agcttgatc ccacatcagt	2940
cttgatgcta aataaatgga tgtccataat cttctaactt ttaatttggt tctcttacca	3000
aacgagaaaa aataggagaa atccaatttg catgacctca ataaggaaat gttgttaatg	3060
tgatgatgct gtttctcatt tatagtctag agagagttat catgtccaag attgcagtct	3120
tggtactgag aaagtttgat tgttggttg ctgcttcttg agcctctttt ttttagagta	3180
agacacttcc tagatataat tttctttatt tttttgtaa ttccatatat actactacat	3240
taacagggtt aagtttatat taggtgagag agattactca ccagtttgct ccttatgttg	3300
gtcgttgga agctgaagct ctgatggccc ttctagaggt gcagaccaac tcttttagcc	3360
tttttttttc tggcatgtca agtgtggcta ttagattttc tgggtgattc tctctccat	3420
atatctatat atgtacatat taaagcacat tgatacctat cttgtcagat gtggtctttt	3480
caattctttt ctaagttgag attcttctct tggctgtaga tatgctcctg ccgaaatata	3540
ctgctgtctt gttatccatc atgacttggt tatgcttgta tctgggcatt atcttggcat	3600
gcttaaaaaa aagtattgaa cgagcctcct attgataaat ttactatta atattggatg	3660
gcttctcaaa ttctaattggc agtgagatac tgtaagtgt ggagaaatag attaagaaac	3720
agaaagatgt ttaccatgag agcaattgaa atagaaaata gagtaacttt ttgcaaagat	3780

tttggtcctt tagattgttg aatactacct gataatgaag cattttctaa atttatgtgc	3840
tttctatcta tcagatactg gaatacaatc aaattcctat cacgtactga gcattgtgat	3900
cagattccttg ctgcttcct atcacatact ggaatccttt tgattgttga atacaaagat	3960
aatgaagcat tctctaactt tatgtgctgt aactacttat aatgattcctt gcttgccctc	4020
tatcacgtac tcaaactcctt tgtttgattt gtctcttata agaggaactt cctgtctttc	4080
tttgtcatga cttagtattt atagagggtg caacttatgg ccttgacaac tgaagctttt	4140
atgcaaactc cggattttgt tgatggaagt acaagtaaca ctttagcatg tggattcagg	4200
tctaacgggt aagacttttt aatgaatgtt ttaactgtag tagtttattg atataaaaaa	4260
agtggctctt caaacttttt atgagatcat atcgaagtaa tcaaatttat gattcagggtg	4320
cttctgctat tattcttggt taagcatgtg ctatttttga cagtctgtca attgtaggct	4380
gcagagaatt ttattgtccg tttgtttgaa gatggtatgc tttgtgcaat tcatgccaaa	4440
cgagttacac tcagttagta tctgatttcc ttcggtggtg ctgctattat gcattatata	4500
cactttgcct caatatcgtt atataaggag tccttgtttt catatttggt tgatgcatat	4560
gttatatcct gtttagtggc tgctgcagtt gtgaacttac ggctgtttg attagtgtgc	4620
ataaatgatg gtaatactaa tataatttag tataaatttg taaaaaaaat gctaatatca	4680
atatttatgg taatgaaatt ttatcataaa acatgagttc tcttttataa gttttcatta	4740
ctatccaata ccaccttccc aagtggtaat gaacggtaat gaaatttttag gaagaaaatg	4800
gatatttggg gattagatag cattaccatg ggtaatgaca tgagattttc tttaacaactt	4860
tatactacga tgcattatca ttaccacat ttatgacca taaccaaaaa aaccataatg	4920
tgttagggtc atttttcatt tttctaataa tttgcttcat gaattttttc tggagatatc	4980
ttatctagat atttcttgcc aacatgtttc acctgataat tgatcgattt aatagttcag	5040
aactttccaa aaactatgct gctcgggtgt ggctgtcatc catcagttta agaaaactat	5100
tgacatgatt taagcctcgt cctgtactac taggaagggg aaactattgt tgcttccaaa	5160
aatgtctttt aagggcgtgt tcagcaacaa tagttgtagt agtagctttt agctgttagt	5220
tgtgctcgta gctgttagtg gttagtgtgt aactgttagc tgttcaagta gcggtataag	5280
atattgatgt tcggtaaaag aagctgtcaa aatagctgtt tacaaagaat taataaaaaa	5340
ctcaaacaaa gctttaatat ataatttatg caccactaaa gctaccccaa aagctacaaa	5400
ttgtagcttt ttacaaacac tactaaaaca ctacttgtaa cactaaaagc tacttatact	5460
actattttgc caaacattat tattttttct taattagtgt tttgacctag tcaagacact	5520
aaaagctact tgaaaagctt ttgccgaaca cgcccttagt agacaagagg ggggaggggg	5580
tcatcaagaa aatatgatta tactctcaac aaaaaaaaaa tgtaacttaa aaaaaataaa	5640
aataaataat tgactacttc aattaagaaa agaatagaat aaaaacatta cagtggatgt	5700
ctcatccaca tccctaattt aatggcacaa tagaataatt gttttaaatt ttagaaatta	5760
caacacaaga tgtaaattac tcttatcttc ctcttcgtaa tctttttact cttcctttac	5820

ctcttccttt accctctacat aaaatagaga attagagatt gattaagata attataagat	5880
tttagaaaca ttggttaaga aattcttcaa caaacataat caagtaactc cattatttta	5940
gtttagtgaac ttgtatttta tcaccctaata ttcaccatct accgccctcc ttggacaata	6000
ttgcccccttc cactttcttc actcttcctt cctcacgcat cttatcatct ccttcacta	6060
tcacctttaa aaaagtgtgt caggcacaaac aaaaacgctt ttatcaaccc acgcgaggcg	6120
aagtacgtca ggcgcaacaa ggcgcgcacc taattctgtc ttttgccaag gctgatggtg	6180
cacttagttt taaaaagcgc agcaaagatg tgcctaggcg caaggcggtg aaaaaattgc	6240
atccgtcagc agcggagtag aggcacacaa caatagggtc gaagaggcgt gcacgtacaa	6300
aagaagcaaa aataagaaac tcaaataatga gaccacagtgt ttaacatgta aattcgatac	6360
ccagtgttta acatgtaaat tcgattaaaa gcccttaatt aattgcatga aattaattca	6420
ttttaaccta tactaaaagc cctaataatga gaaaatccta gtttgaggtg tgaggaattt	6480
ggaaaattga tgattgttgg atttgaaaaa attgttgccg gcgatgaatg tgagggtggt	6540
tatggcacta gagagggttg cgttcgttgc cgtatgaagct ttccaaggct attctctcct	6600
tgtctcttc ctatgcctag ctctcttccc tctcttaaat cttctcttct tttctattct	6660
ctctctttat cactacatta tgtttatttc tcgttcttcc cctatgtctt tcacttggaac	6720
acttcggggg tatcttcac ttttatctgc aatttgaagt ttgagaagct tccagagtcg	6780
agtgttaaac ttttgcttct ttttttttaa tcttttgccc ttttttctta gtggcccttg	6840
actagtgtg cecatgtgac caattactaa atgagctttt attttgtctc tcttctttt	6900
caagcaattt tttttaagta aatcatctaa aacaaagtac tatccatttt agttgtgtaa	6960
atggtgctat tttaaaaccg cacaaaaatt aaaaacataa aaataaagggt gtgcttcgca	7020
tacaagatgt atgcgccttc gtcttgcccc ttttgagact aagactacca taagaactta	7080
gtcacttgag aatggaatgg gtgcaagatg gacgacgata attctaaaga cctctagaag	7140
gatagtgtat agtaactaat acgaaccgaa atataagttt aactaaaatt ttaaagtcta	7200
tatttccata tggatatatgc tggaatacac gaaatgtcca gaattttag taggaccacga	7260
tccacacgtc ttttcaggat tctagggtga ttccaacgaa aaatataaga aaaccatatt	7320
ctactatctg gttgttgtca tcctttcctt gccggcgta cttctcatcc ttttattttt	7380
gtccggtgct ggtgacacac tttcctatga tagtgtggtg caaagtaagg tgatgatatg	7440
gtgttttgta gaggtgtggt gatttttgtg gtggtgggtg gaagaggggt ggttgcatat	7500
agaaaggggt aagagtcaat gaggggtgga aggggacaag gggatatattg gtaaatgcat	7560
gtaacattag ggtggtgttg agtaattttt gggaaagttaa tataaactac ccccttttgg	7620
tacaagagag aatacccgaa ctactgctct gatatttttg ttcacgttat ttgatgtaat	7680
tacgcaatta atttgttttc tataagcttc cgcacacaat tgtgcatata aggctagtct	7740
aatatgagac accaacataa ctgactttct tttgcaacga aggtaccttg tcagatttag	7800
aacatagcat caggatttta tttgttgtat ctgtcatcct tgtttattgc ttttaattatg	7860

ES 2 926 055 T3

ctttgtatga tgcattttac cacttcgtat gaaaaaaagt gaaatttcat ttagtgggtca 7920
 ttacatatt acgagttgtg gacatgtttg aacatttgat tttggaaatt ttaagcctca 7980
 tattatggag atttattgga cacaaatata gccataattc tccatcaact tgtttctaga 8040
 agtgttgctc ttcctgatgt acttgaattc taattaggtt ttatcagaca ttatattata 8100
 atgatatgat ttacaatttg ttgtagtgaa aaaggatttg gagctcgcgc gaaggattgg 8160
 gggcagagag aggggatggg aactaaacaa cacagatgac tcatttattt aagggccaac 8220
 aattgaattc gctgttgatt tcactgttat atactgctct aggccttctat tccaatgtaa 8280
 tttataaatc caaggttagt agcatgttaa gctttgtatt cagtataatg agacttatat 8340
 tttgcagttg agattttagt tgtttgatgt gacttgtaaa ttgtaacttg taagtgcgt 8400

<210> 96

<211> 462

<212> ADN

5 <213> Beta vulgaris

<400> 96

atgagagtta aacacactgc tgccaggaaa tcaaccacca atggctctcg ttcaaaggct 60
 cagaaatctc cgcgcagttt gcaatcacca caatgcctt ctagtagttc aaagcgcaaa 120
 tcacgcagaa aactgatgc aactcctcaa aagaagaagg ctaccgccg taagccgggc 180
 actgtggcac tctgggaaat acgcaaattt cagaagtcac tcaagccctt gattcctgct 240
 ggccttttca ttcgaacagt gagagagatt actcaccagt ttgctcctta tgttggtcgt 300
 tggcaagctg aagctctgat ggcccttcta gaggtgcag agaattttat tgtccgtttg 360
 tttgaagatg gtatgctttg tgcaattcat gccaaacgag ttacactcat gaaaaaggat 420
 ttggagctcg cgcgaaggat tgggggcaga gagaggggat gg 462

<210> 97

<211> 154

10 <212> PRT

<213> Beta vulgaris

<400> 97

Met Arg Val Lys His Thr Ala Ala Arg Lys Ser Thr Thr Asn Gly Pro
 1 5 10 15
 Arg Ser Lys Ala Gln Lys Ser Pro Arg Ser Leu Gln Ser Pro Gln Ser
 20 25 30
 Pro Ser Ser Ser Ser Lys Arg Lys Ser Arg Arg Asn Thr Asp Ala Thr
 35 40 45
 Pro Gln Lys Lys Lys Ala Tyr Arg Arg Lys Pro Gly Thr Val Ala Leu
 50 55 60
 Trp Glu Ile Arg Lys Phe Gln Lys Ser Phe Lys Pro Leu Ile Pro Ala
 65 70 75 80

ES 2 926 055 T3

Ala Pro Phe Ile Arg Thr Val Arg Glu Ile Thr His Gln Phe Ala Pro
85 90

Tyr Val Gly Arg Trp Gln Ala Glu Ala Leu Met Ala Leu Leu Glu Ala
100 105 110

Ala Glu Asn Phe Ile Val Arg Leu Phe Glu Asp Gly Met Leu Cys Ala
115 120 125

Ile His Ala Lys Arg Val Thr Leu Met Lys Lys Asp Leu Glu Leu Ala
130 135 140

Arg Arg Ile Gly Gly Arg Glu Arg Gly Trp
145 150

REIVINDICACIONES

- 5 1. Planta que tiene actividad biológica de un inductor haploide y que comprende una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína centrómero de histona H3 (CENH3) que comprende un dominio CATD, en la que la secuencia de nucleótidos comprende una mutación que causa en el dominio CATD una alteración de la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3 y dicha alteración le confiere la actividad biológica de un inductor haploide
 en la que la mutación causa una sustitución de un aminoácido en la posición 2 o 12 de la secuencia endógena correspondiente a la secuencia consenso representada por SEQ ID NO: 49; o
 en la que la mutación causa una sustitución de un aminoácido en la posición 4, 7, 8, 10, 25 o 26 de la secuencia endógena correspondiente a la secuencia consenso representada por SEQ ID NO: 1.
- 10 2. Planta de acuerdo con la reivindicación 1, en la que el cruce entre la planta y una planta de tipo salvaje o una planta que expresa la proteína CENH3 de tipo salvaje produce al menos 0.1% de progenie haploide.
3. Planta de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, en la que la secuencia de nucleótidos que comprende la mutación es un gen endógeno o un transgén.
- 15 4. Planta de acuerdo con la reivindicación 3, en la que la secuencia de nucleótidos que comprende la mutación es un transgén y al menos un gen endógeno que codifica una proteína CENH3 está inactivado o anulado.
5. Secuencia de nucleótidos que codifica una proteína centrómero de histona H3 (CENH3) que comprende un dominio CATD, que comprende una mutación que causa en el dominio CATD una alteración de la secuencia de aminoácidos de la proteína CENH3 y dicha alteración confiere la actividad biológica de un inductor haploide,
 en la que la mutación causa una sustitución de un aminoácido en la posición 2 o 12 de una secuencia endógena correspondiente a la secuencia consenso representada por SEQ ID NO: 49; o
 en la que la mutación causa una sustitución de un aminoácido en la posición 4, 7, 8, 10, 25 o 26 de una secuencia endógena de CENH3 correspondiente a la secuencia consenso representada por SEQ ID NO: 1.
- 20 6. Vector que comprende la secuencia de nucleótidos de la reivindicación 5.
7. Célula vegetal o célula huésped que comprende la secuencia de nucleótidos de la reivindicación 5 o el vector de la reivindicación 6 como un transgén.
- 25 8. Un método de generación de una planta de acuerdo con las reivindicaciones 1 a 4, que comprende los pasos de:
 - a) transformar una célula vegetal con la secuencia de nucleótidos de la reivindicación 5 o el vector de la reivindicación 6, y
 - b) regenerar una planta que tiene la actividad biológica de un inductor haploide a partir de la célula vegetal.

30

FIGURA 1

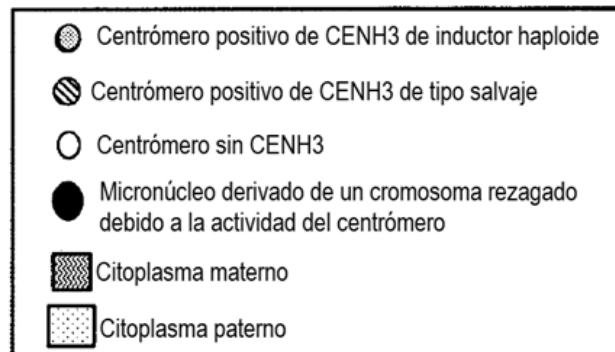
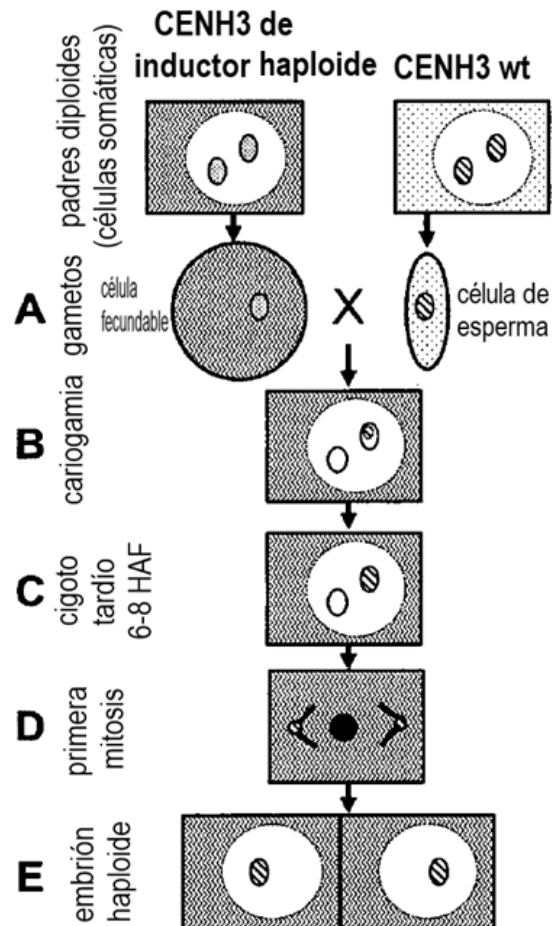


Figura 2

